

	F30 II-2		F30 II-3		F32 II-1		F60 II-1	
<i>p-ter</i>								
D1S2845	201	207	201	207	215	201	219	218
D1S2660	257	259	237	259	281	281	281	281
D1S2660_e	166	166	166	166	174	153	166	166
D1S2660_i	224	224	224	224	nd	nd	232	232
D1S2660_k	149	149	149	149	145	145	159	149
D1S2660_h	263	259	263	259	255	255	281	261
D1S2660_d	128	136	128	136	124	136	128	128
D1S2660_c	155	159	nd	nd	155	159	155	155
D1S2660_b	156	154	156	154	159	154	156	156
*D1E23	175	171	175	171	175	175	175	175
D1E22	123	123	123	123	121	121	125	123
D1S2660_q	149	149	149	149	149	149	148	149
**D1E19	266	266	266	266	266	272	nd	nd
D1S2795	219	219	219	219	217	217	217	217
D1S2660_t	178	170	170	170	170	170	173	173
D1E18	212	212	212	212	212	212	208	208
D1S2660_p	197	197	197	197	199	199	191	191
D1S2660_u	180	180	180	180	189	180	189	180
D1E17	243	243	243	243	235	235	242	242
D1S2660_a	nd	nd	117	117	127	127	115	115
D1S2660_r	191	191	191	191	193	193	191	191
D1E16	189	189	189	189	189	189	189	189
D1E15	126	126	126	126	133	133	126	126
D1E14	127	127	127	127	123	123	127	127
D1S2660_m	205	205	205	205	209	209	205	205
D1E13	166	166	166	166	174	174	174	174
D1S2633_g	236	236	236	236	263	263	246	246
D1S2633_e	206	206	206	206	206	206	206	206
D1E12	128	128	128	128	128	128	128	128
D1S2633_f	165	165	165	165	173	173	165	165
D1S2633_c	181	181	181	181	157	157	161	161
D1E11	142	142	nd	nd	142	142	140	140
D1S2633_a	140	140	140	140	140	140	148	140
D1E9	184	184	184	184	184	184	184	184
D1E8	189	189	189	189	189	189	186	180
D1E4	148	148	nd	nd	148	148	148	148
**D1S2870	206	208	208	208	206	200	207	190
D1S253	2	2	2	2	nd	nd	nd	nd
D1S2870_c	171	171	171	171	187	187	187	187
D1E3	127	127	127	127	131	131	131	131
*SNP-K1AA0720-Ex19	A	A	A	A	nd	nd	nd	nd
D1S2642_f	138	138	138	144	133	138	144	148
D1S2642_b	151	151	151	149	151	151	151	159
D1S2642	181	181	181	189	184	183	181	170
D1S214	122	122	122	142	138	138	142	142
D1S2663	191	199	201	183	189	189	192	185
<i>cen</i>								

Fig. 1

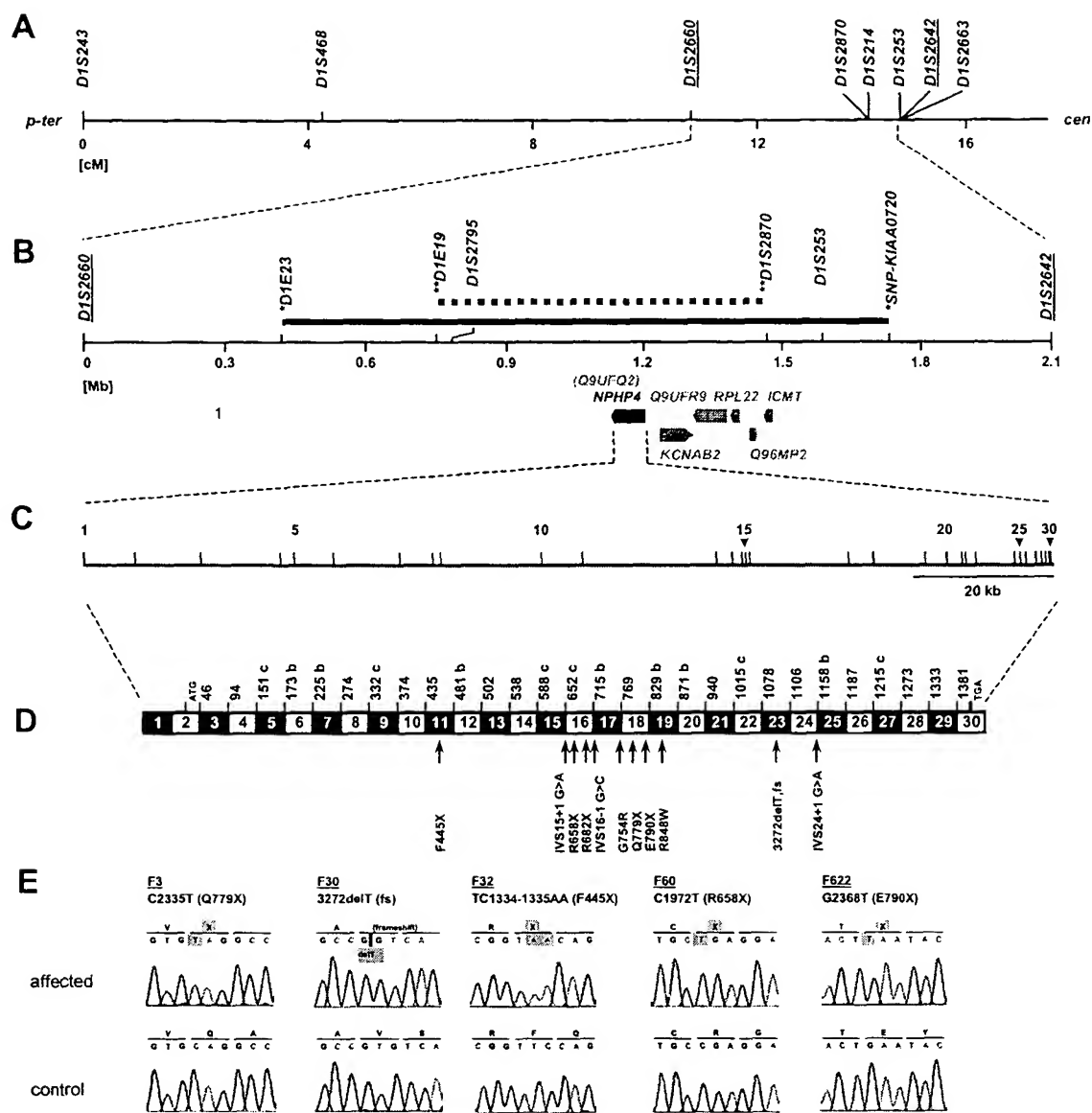


Fig. 2

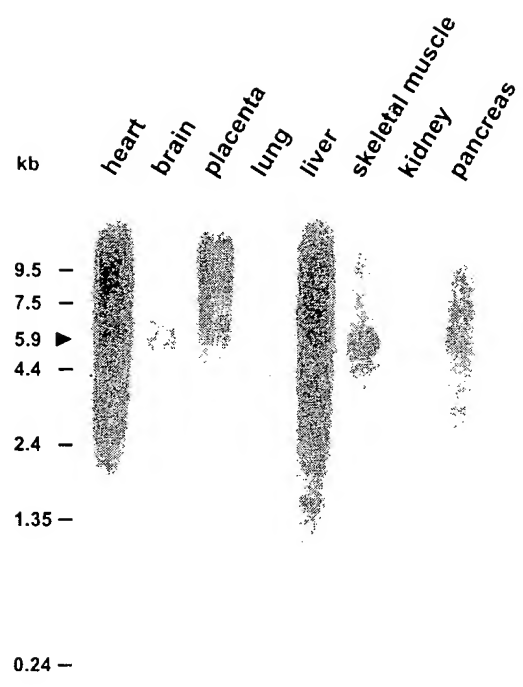
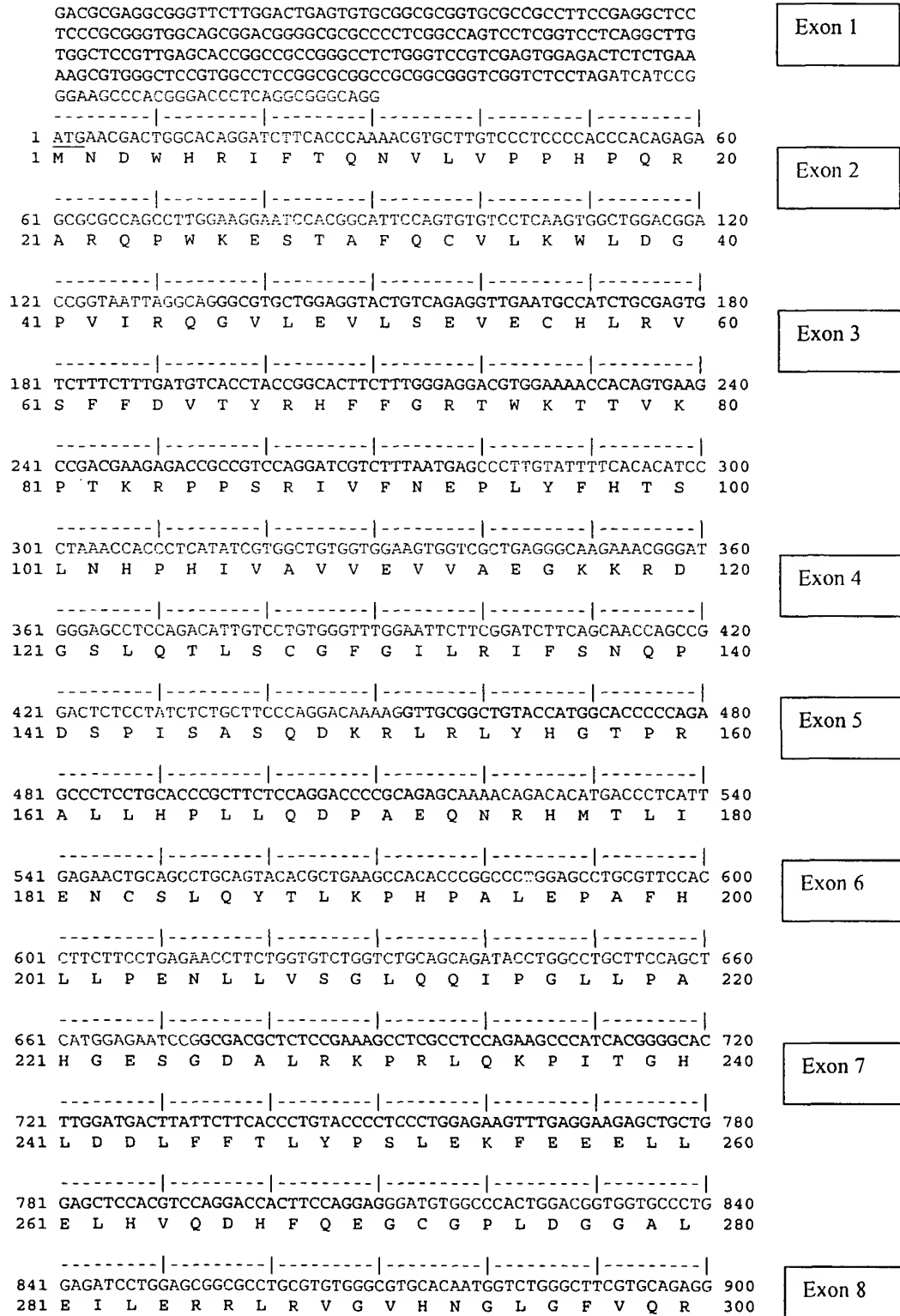


Fig. 3

Figure 4



```

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
901 CCGCAGGTCGTTGTACTGGTGCCTGAGATGGATGTGGCCTTGACGCGCTCAGCTAGCTTC 960
301 P Q V V V L V P E M D V A L T R S A S F 320

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
961 AGCAGGAAAGTGGTCTCCTCTTCCAAGACCAGCTCCGGGAGCCAAGCTCTGGTTTGA 1020
321 S R K V V S S S K T S S G S Q A L V L R 340

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1021 AGCCGCTCCGCTCCAGAGATGGTCGGCCACCTGCATTTGCGGTCATCTTCCAGCTG 1080
341 S R L R L P E M V G H P A F A V I F Q L 360

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1081 GAGTACGTGTTACAGCCCTGCAGGAGTGACGGCAATGCAGCTTCGGTCACCTCTCTG 1140
361 E Y V F S S P A G V D G N A A S V T S L 380

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1141 TCCAACCTGGCATGCATGCATGGTCCGCTGGGCTGTTTGAACCCCTTGCTGGAAGCT 1200
381 S N L A C M H M V R W A V W N P L L E A 400

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1201 GATTCTGGAAGGTGACCCTGCCTCTGCAGGGTGGGATCCAGCCCAACCCCTCGCACTGT 1260
401 D S G R V T L P L Q G G I Q P N P S H C 420

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1261 CTGGTCTACAAGGTACCCTCAGCCAGCATGAGCTCTGAAGAGGTGAAGCAGGTGGAGTCG 1320
421 L V Y K V P S A S M S S E E V K Q V E S 440

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1321 GGTACACTCCGGTTCCAGTTCTCGCTGGGCTCAGAAGAACACCTGGATGCACCCACGGAG 1380
441 G T L R F Q F S L G S E E H L D A P T E 460

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1381 CCTGTCACTGGCCCCAAAGTGGAGCGGGCCTTCCAGGAAACACCCACGTCCCTTCG 1440
461 P V S G P K V E R R P S R K P P T S P S 480

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1441 AGCCCCCAGCGCCAGTACCTCGAGTTCTCGCTGCCCGCAGAACTCAGCTGTGGGACCA 1500
481 S P P A P V P R V L A A P Q N S P V G P 500

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1501 GGGTTGTCAATTTCCAGCTGGCGGCCTCCCGCGGTCCCGACTCAGCACTGCTTGGCC 1560
501 G L S I S Q L A A S P R S P T Q H C L A 520

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1561 AGGCCTACTTCACAGCTACCCATGGCTCTCAGGCCTCCCGGCCAGGCACAGGAGTTC 1620
521 R P T S Q L P H G S Q A S P A Q A Q E F 540

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1621 CCGTTGGAGGCCGGTATCTCCACCTGGAAGCCGACCTGAGCCAGACCTCCCTGGTCTG 1680
541 P L E A G I S H L E A D L S Q T S L V L 560

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1681 GAAACATCCATTGCCGAACAGTTACAGGAGCTGCCGTTACGCCTTTGCATGCCCTATT 1740
561 E T S I A E Q L Q E L P F T P L H A P I 580

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1741 GTTGTGGGAACCCAGACCAGGAGCTCTGCAGGGCAGCCCTCGAGAGCCTCCATGGTGCTC 1800
581 V V G T Q T R S S A G Q P S R A S M V L 600

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1801 CTGCAGTCTCCGGCTTTCCCGAGATTCTGGATGCCAATAAACAGCCAGCCGAGGCTGTC 1860
601 L Q S S G F P E I L D A N K Q P A E A V 620

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1861 AGCGCTACAGAACCTGTGACGTTTAACCCTCAGAAGGAAGAATCAGATTGTCTACAAAGC 1920
621 S A T E P V T F N P Q K E E S D C L Q S 640

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1921 AACGAGATGGTGCTACAGTTTCTTGCTTTAGCAGAGTGGCCAGGACTGCCGAGGAACA 1980
641 N E M V L Q F L A F S R V A Q D C R G T 660

```

Exon 9

Exon 10

Exon 11

Exon 12

Exon 13

Exon 14

Exon 15

Exon 16

```

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1981 TCATGGCCAAAGACTGTGTATTTACCTTCCAGTTCTACCGCTTCCCACCCGCAACGACG 2040
661 S W P K T V Y F T F Q F Y R F P P A T T 680

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2041 CCACGACTGCAGCTGGTCCAGCTGGATGAGGCCGGCCAGCCAGCTCTGGCGCCCTGACC 2100
681 P R L Q L V Q L D E A G Q P S S G A L T 700

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2101 CACATCCTCGTGCCTGTGAGCAGAGATGGCACCTTTGATGCTGGGTCTCCTGGCTTCCAG 2160
701 H I L V P V S R D G T F D A G S P G F Q 720

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2161 CTGAGGTACATGGTGGGCCCTGGGTTCCTGAAGCCAGGTGAGCGGCGCTGCTTTGCCCGC 2220
721 L R Y M V G P G F L K P G E R R C F A R 740

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2221 TACCTGGCCGTGCAGACCCTGCAGATTGACGTCTGGGACGGAGACTCCCTGCTGCTCATC 2280
741 Y L A V Q T L Q I D V W D G D S L L L I 760

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2281 GGATCTGCTGCCGTCCAGATGAAGCATCTCCTCCGCCAAGGCCGGCGCTGTGCAGGCC 2340
761 G S A A V Q M K H L L R Q G R P A V Q A 780

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2341 TCCCACGAGCTTGAGGTCTGGCAACTGAATACGAGCAGGACAAACATGGTGGTGAGTGA 2400
781 S H E L E V V A T E Y E Q D N M V V S G 800

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2401 GACATGCTGGGGTTTGGCCGCGTCAAGCCCATCGGCGTCCACTCGGTGGTGAAGGCCCG 2460
801 D M L G F G R V K P I G V H S V V K G R 820

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2461 CTGCACCTGACTTTGGCCAACGTGGGTCACCCGTGTGAACAGAAAGTGAGAGGTGTAGC 2520
821 L H L T L A N V G H P C E Q K V R G C S 840

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2521 ACATTGCCACCGTCCAGATCTCGGGTCATCTCAACGATGGAGCCAGCCGCTTCTCTGA 2580
841 T L P P S R S R V I S N D G A S R F S G 860

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2581 GGCAGCCTCCTCACGACTGGAAGCTCAAGGCGAAAACAGTGGTGCAAGCACAGAAGCTG 2640
861 G S L L T T G S S R R K H V V Q A Q K L 880

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2641 GCGGACGTGGACAGTGAGCTGGCTGCCATGCTACTGACCCATGCCCGGCAGGGCAAGGG 2700
881 A D V D S E L A A M L L T H A R Q G K G 900

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2701 CCCCAGGACGTACGCCGCGAGTCGGATGCCACCCGCAGGCGTAAGCTGGAGCGGATGAGG 2760
901 P Q D V S R E S D A T R R R K L E R M R 920

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2761 TCTGTGCGCTGCAGGAGGCCGGGGGAGACTTGGGCCGGCGGGACGAGCGTGTGGCG 2820
921 S V R L Q E A G G D L G R R G T S V L A 940

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2821 CAGCAGAGCGTCCGCACACAGCACTTGCGGGACCTACAGGTCATCGCCGCTACCGGGAA 2880
941 Q Q S V R T Q H L R D L Q V I A A Y R E 960

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2881 CGCACGAAGCCGAGAGCATCGCCAGCCTGCTGAGCCTGGCCATCACCACGGAGCACAG 2940
961 R T K A E S I A S L L S L A I T T E H T 980

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2941 CTCCACGCCACGCTGGGGTTCGCCGAGTTCTTTGAGTTTGTGCTTAAGAACCCCAAC 3000
981 L H A T L G V A E F F E F V L K N P H N 1000

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3001 ACACAGCACACGGTGACTGTGGAGATCGACAACCCGAGCTCAGCGTCATCGTGACAGT 3060

```

Exon 17

Exon 18

Exon 19

Exon 20

Exon 21

1001 T Q H T V T V E I D N P E L S V I V D S 1020

3061 CAGGAGTGGAGGGACTTCAAGGGTGCTGCTGGCCTGCACACACCGGTGGAGGAGGACATG 3120
1021 Q E W R D F K G A A G L H T P V E E D M 1040

Exon 22

3121 TTCCACCTGCGTGGCAGCCTGGCCCCCAGCTCTACCTGGCCCCCAGAGACCGCCAC 3180
1041 F H L R G S L A P Q L Y L R P H E T A H 1060

3181 GTCCCCCTTCAAGTTCAGAGCTTCTCTGCAGGGCAGCTGGCCATGGTGCAGGCCTCTCCT 3240
1061 V P F K F Q S F S A G Q L A M V Q A S P 1080

Exon 23

3241 GGGTTGAGCAACGAGAAGGGCATGGACGCCGTGTCACCTTGGAAAGTCCAGCGCAGTGCCC 3300
1081 G L S N E K G M D A V S P W K S S A V P 1100

3301 ACTAAACACGCCAAGGTCTTGTTCGAGCGAGTGGTGGCAAGCCCATCGCCGTGCTCTGC 3360
1101 T K H A K V L F R A S G G K P I A V L C 1120

Exon 24

3361 CTGACTGTGGAGCTGCAGCCCCACGTGGTGGACCAGGTCTTCCGCTTCTATCACCCGGAG 3420
1121 L T V E L Q P H V V D Q V F R F Y H P E 1140

3421 CTCTCCTTCTCGAAGAAGGCCATCCGCCTGCCGCCCTGGGCACACATTTCCAGGTGCTCCG 3480
1141 L S F L K K A I R L P P W H T F P G A P 1160

Exon 25

3481 GTGGGAATGCTTGGTGAGGACCCCCAGTCCATGTTTCGCTGCAGCGACCCGAACGTCATC 3540
1161 V G M L G E D P P V H V R C S D P N V I 1180

3541 TGTGAGACCCAGAATGTGGGCCCGGGGAACCGGGACATATTTCTGAAGGTGGCCAGT 3600
1181 C E T Q N V G P G E P R D I F L K V A S 1200

Exon 26

3601 GGTCCAAGCCCGGAGATCAAAGACTTCTTTGTCATCATTTACTCGGATCGCTGGCTGGCG 3660
1201 G P S P E I K D F F V I I Y S D R W L A 1220

3661 ACACCCACACAGACGTGGCAGGTCTACCTCCACTCCCTGCAGCGCGTGGATGTCTCCTGC 3720
1221 T P T Q T W Q V Y L H S L Q R V D V S C 1240

Exon 27

3721 GTCGACGGCCAGCTGACCCGCCTGTCCCTTGTCTTCGGGGGACACAGACAGTGAGGAAA 3780
1241 V A G Q L T R L S L V L R G T Q T V R K 1260

3781 GTGAGAGCTTTCACCTCTCATCCCCAGGAGCTGAAGACAGACCCCAAGGTGTCTTCGTG 3840
1261 V R A F T S H P Q E L K T D P K G V F V 1280

Exon 28

3841 CTGCCGCCTCGTGGGGTGCAGGACCTGCATGTTGGCGTGAGGCCCCCTAGGGCCGGCAGC 3900
1281 L P P R G V Q D L H V G V R P L R A G S 1300

3901 CGCTTTGTCCATCTCAACCTGGTGGACGTGGATTGCCACCAGCTGGTGGCCTCCTGGCTC 3960
1301 R F V H L N L V D V D C H Q L V A S W L 1320

3961 GTGTGCCTCTGCTGCCGCCAGCCGCTCATCTCCAAGGCCTTTGAGATCATGTTGGCTGCG 4020
1321 V C L C C R Q P L I S K A F E I M L A A 1340

4021 GGCGAAGGGAAGGGTGTCAACAAGAGGATCACCTACACCAACCCCTACCCCTCCCGGAGG 4080
1341 G E G K G V N K R I T Y T N P Y P S R R 1360

Exon 29

-----|-----|-----|-----|-----|-----|

4081 ACATTCCACCTGCACAGCGACCACCCGGAGCTGCTGCGGTTTCAGAGAGGACTCCTTCCAG 4140
1361 T F H L H S D H P E L L R F R E D S F Q 1380

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4141 GTCGGGGGTGGAGAGACCTACACCATCGGCTTGCAGTTTGCGCCTAGTCAGAGAGTGGGT 4200
1381 V G G G E T Y T I G L Q F A P S Q R V G 1400

Exon 30

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4201 GAGGAGGAGATCCTGATCTACATCAATGACCATGAGGACAAAAACGAAGAGGCATTTTGC 4260
1401 E E E I L I Y I N D H E D K N E E A F C 1420

-----|-----|-----|
4261 GTGAAGGTCATCTACCAGTGA 4281
1421 V K V I Y Q * 1426

GGGCTTGAGGGTGCAGTCCTTCCTGCGGCACCCAGCTGGGGCCTGTCTGTGCCCTCCTG
CCCTGCAGGCTGTCTCCCCGCCTCTCTGCAGCCTTTCACCTTCAGTGCCACCTGGCTGA
CCTGTGCACTTGGCTGAGGAAGCAGAGACCGAGCGCTGGTCATTTTGTAGTACCTGCATC
CAGCTTAGCTGCTGCTGACACCCAGCAGGCTGGGTTCGTGAGCGCGAACTCCGTGGTG
GTGGGTCTGGCTCTGGTGTGCCATCTACGCATGTGGGACCCCTCGTTATCGCTGTTGCTC
AAAAATGATTTTATGAATCATCCTAAATGAGAAAATTATGTTTTTCTTACTGGATTTTGT
ACAAACATAATCTATTATTGCTATGCAATATTTTATGCTGGTATTATATCTGTTTTTTA
AATTGTTGAACAAAATACTAACTTTT

Figure 5

human	MNDWHRIFTQ	NVLVPPHPQR	ARQPWKESTA	FOCVLKWLDG	PVIRQ	45
mouse	MGDWHRAFTQ	NTLVPPHPQR	ARQLGKESTA	FOCI LKWLDG	PLIKQ	45
CEleg	0
human	GVLEV LSEVE	CHLRVSFFDV	TYRHFFGRTW	KTTVKPTKR P	...PS	87
mouse	GILDM LSELE	CHLRVT LFDV	TYKHFFGRTW	KTTVKPTNQP	SKQPP	90
CElegMSVNDW	YSLFLANRPV	EMKRNVS RGT	KALCY	31
human	RIVFNEP...	...LYFHTSLN	HPHIVAVVEV	V AEGKKR...	...D	120
mouse	RI TFNEP...	...LYFHTTLS	HP SIVAVVEV	VTEGRKR...	...D	123
CEleg	S M F I S N L T S P	Q T L Y F Y S I I N	S R D V L L I L E F	V E E G S D E I N G	R T F E N	76
human	GS LQT LSCGF	GILRIFSN..	QPDSPISASQ	DKRLRLYHGT	PRALL	163
mouse	GT LQL LSCGF	GILRIFGN..	KPESPTSAAQ	DKRLRLYHGT	PRALL	166
CEleg	P K S T K I T A P A	T S V G W F S T H I	E K K T P V E I S N	T K I F D I F G G T	P K L L I	121
human	HPLLQDP AEO	NRHMT L I ENC	SLQYTLKPHP	ALEPAFHLLP	ENLLV	208
mouse	HPLLQDP IEO	NKFMRLMENC	SLQYTLKPHP	PLEPAFHLLP	ENLLV	211
CEleg	F.....DK	E T V L K P V G N V	E C T Y N I F E M P	P I . . F F Q C L P	E F C T V	157
human	SG LQQIPGLL	PAHGE S GDAL	RKPR L QKPIT	GHLDDLFFFTL	YPSLE	253
mouse	SG FQQIPGLL	PPHGD TGDAL	RKPR F QKPTT	WHLDDLFFFTL	YPSLE	256
CEleg	C D K D I I P G I I	K D S S D . E W W L	S T P K E M P T I P	A A T D A I V I Q F	K N N V P	201
	E-rich		NLS			
human	KFEEL LELH	VQDHFOEGCG	PLDGGALEIL	ERRLRVGVHN	GLGFV	298
mouse	KFEEL VQLL	ISD...REGVG	LLDSGTLEVL	ERRLHVGVHN	GLGFV	299
CEleg	E L E K Q T T H D I	E K E W A L K E G G	T L K P K A I . I M	D R K L R I G V H N	G Y T Y V	245
human	QRPOVVVLVP	EMDVALTRSA	SFSRK V VSSS	KTSSGSQALV	LRS..	341
mouse	QRPOVVVLVP	EMDVALTRSA	SFSRK I SASS	KNSSGNQALV	LRS..	342
CEleg	T E P F T V D L E I	I S S N A G D T L R	S R K K P I D F G K	S S N W E E Q L L F	Q A A G N	290
human	.RLRLPEMVG	HPAFAVIFQL	EYVFS SPAGV	DGNAASVTSL	SNLAC	385
mouse	.HLRLPEMVS	HPAFAIIFQL	EYVFN SPSGA	DGGAS SPTS I	SSVAC	386
CEleg	P R L A L R N L Y A	D P R M A I I F L L	E Y T F H R E D N Q	S L N Q T I L I G W	A A W T P	335
human	MHMVRWAVWN	PLLEADS GRV	TLPLQGG I QP	NPSHCLVYKV	PSASM	430
mouse	MHMVRWAVWN	PDLEVGP GKV	TLPLQGG VQQ	NPSRCLVYKV	PSASM	431
CEleg	F S D	G A F S G K E V E T	R V S F V G G P R P	N P E G V L C Y K N	V L N Q P	373
human	SSEEVKQVES	GT L R F Q F S L G	SEEHL DAPTE	PVSGPKVERR	PSRKPM	475
mouse	SSEEVKQVES	GT I Q F Q F S L S	S...DGPTE	HANGPRVGRR	SSRKPM	472
CEleg	D S L K P L N E K L	E I F V D F K F Y E	N G R S V H N T P T	S R R A A D S A R V	Q T G R S	418
human	PTSPSSPPAP	VPRVLAAPQN	SPVGPGLSIS	QLAASPRSP	QHCLA	520
mouse	PASPS.....	RKS VKIETPR	SPENS N...RF	PALVD TGRSV	SSVDE	477
CEleg	G D N G Q S A R S N					461
human	RPTSQ LPHGS	QASPAQA QEF	PLEAGISHLE	ADLSQ TSLVL	ETSI A	565
mouse QES QES	VLES RVSHLE	ADLSQ PASLQ	GTPAV	505
CEleg	L R S I N E D L N R	F I E E P M E I P V	Q D V V V A K K P V	E E P L P I T S V Y	K I P F D	506
human	EQ LQELPFTP	LHAPIVVG TQ	TRSSAGQPSR	ASMVLLQSSG	FPEIL	610
mouse	EH LQELPFTP	LHAPIVVG A Q	TRSSRSQ LSR	AAMVLLQSSG	FPEIL	550
CEleg	E L K P I N F P	S A H S M F A R Q N	F T Q L K	530

human	DANKQPAEAV	SATEPVTFNFP	QKEESDCLQS	NEMVLQFLAF	SRVAQ	655
mouse	DASQQPV EAV	NPIDPVR FNP	QKEESDCLRG	NEI VLQFLAF	SRAAQ	595
CEleg	DRNGSPPNTE	DVTLKTIIDM	KREQLDRLIT	SHVYFQFI AF	KQLAA	575
human	DCRGT SWPKT	VYFTFQFYRF	PPATTTPRLQL	VQLDEAGQPS	SGALT	700
mouse	DCPGT PWPQT	VYFTFQFYRF	PPETTPRLQL	VKLDGTGKSG	SGSL	640
CEleg	P . . DARMIKK	LFFTIGFYRF	PDITTESMLL	TSM EK . GEP T	612
human	HILVP VSRDG	TFDA . GSPGF	QLRYMVGPGF	LKPGERRCFA	RYLAV	744
mouse	HILVP INKDG	SFDA . GSPGL	QLRYMVDPGF	LKPGEQRWFA	HYLAA	684
CEleg	. LLTRL DKN G	NSDVIASPGF	I AKY I I EGEE	SKAD FL	DFMAS	652
human	OTLQIDVWDG	DSLLLIGSAA	VQMKHLLRQG	RPAVQ ASHEL	EVVAT	789
mouse	OTLQV D VWDG	DSLLLIGSAG	VQMKHLLRQG	RPAVQ V SHEL	EVVAT	729
CEleg	G HATIDVWDS	DSL IHLGSTI	VPIKNLYRRG	REAVQLFIQC	PVVD T	697
human	EYEQDNMVVS	GDM LGFGRVK	PIGVH SVVKG	RLHLTLANVG	HPCEQ	834
mouse	EYEQEMMAVS	GDVAGFGSVK	PIGVHTVVKG	RLHLTLANVG	HACEP	774
CEleg	S LDTSSKA . .	. GAFLYMRVA	NIGFPSGNTY	DL	726
			S-rich			
human	KVRGCSTLPP	SRSRVISNDG	AS . RFSGGSL	ITTGSSRRKH	VVQAQ	878
mouse	RARGSNL LPP	SRSRVISNDG	AS . FFSGGSL	LIPGGPKRKR	VVQAQ	818
CEleg	. SSSSS LTT	TRSNVNSGQG	TVVRRLTSSI	RLNEEGPHSY	RIHAK	770
	DUF339			H. salinarium		
human	KLADVDS ELA	AMLLTHARQG	KGPQDVSR ES	DATRRRKLER	MRSVR	923
mouse	RLADVDS ELA	AMLLTHTRAG	QGPQAAGQEA	DAVHKRKLER	MRLVR	863
CEleg	PLPGNSGVGL	DRFLTAQR L DIQQRHE	QLFNENS LDK	IRQWN	811
			H. salinarium			
human	LOEAGGDLGR	RGT SVLAQQS	VRTQH LRDLO	VIAAYRERTK	AESIA	968
mouse	LOEAGGDS DS	RRISL LAQHS	VRAQH SRDLO	VIDAYRERTK	AESIA	908
CEleg	DLKEGFNFSD	NKE . . . LAQKF	IFEE . . . ELA	AYKKLRYESK	PAKLL	851
	H. salinarium					
human	SLLSLAITTE	HTLHATLGVA	EFFEFVLKNP	HNTQHTVTVE	IDNPE	1013
mouse	GVLSQAITTH	HTLYATLGTA	EFFEFALKNP	HNTQHTVAIE	IDSPE	953
CEleg	EAVFKGITSC	HQINPSFGEK	VFFEFPLENY	NSEPINCTIE	FDDEA	896
human	LSVIVDSQEW	RDFKG AAGLH	TPVEEDMFHL	RGSLAPQLYL	RPHET	1058
mouse	LSIILDSQEW	RYFKEATGLH	TPLEEDMFHL	RGSLAPQLYL	RPRET	998
CEleg	LKP V F DAEW KFYKT	VNKV T	916
human	AHV PFKFQS F	SAGQLAMVQA	SPGLSNEKGM	DAVSPWKSSA	VPTKH	1103
mouse	AHIPLKQSF	SVGPLAPTQA	PAEVITEKDA	ESGPLWKCSA	MPTKH	1043
CEleg	TPSEKQMMRQ	TTDRIEICLQ	PGDVLFI PFI	YDAFFFPND A	FNMYS	961
human	AKVLFRA . SG	GKPIAVLCLT	VELQPHVVDQ	VFRFYHPELS	FLKKA	1147
mouse	AKVLF RV . ET	GQLIAVLCLT	VEPQPHVVDQ	VFRFYHPELT	FLKKA	1087
CEleg	TKVVFR RWD T	KEPLA L D L H	VHRRNFLLQH	SVTFICETS G	NWEKQ	1006
human	IRLPPWHTFP	GAPVGM LGED	PPVHVRCSDP	NVICE TQNVG	PGEPR	1192
mouse	IRLPPWHTLP	GAPVGM PGED	PPVHVRCSDP	NVICEAQNVG	PGEPR	1132
CEleg	LVLP P MARDR	RVLSCRCSDP	SVRLTVRNAT	LQQI .	1040
human	DIFLKVASGP	SPEIKDFFVI	IYSDRWLA TP	TQTWQVYLHS	LQRVD	1237
mouse	DVFLKVASGP	SPEIKDFFVV	IYADRWLAVP	VQTWQVCLHS	LQRVD	1177
CEleg	. VGFTTYSGE	TND R K T F L L L	MYS DH Y Q T R L	MATWK T T L P	FFNV D	1084

human	V S C V A G Q L T R	L S L V L R G T Q T	V R K V R A F T S H	P Q E L K T D P K G	V F V L P	1282
mouse	V S C V A G Q L T R	L S L V L R G T Q T	V R K V R A F T S H	P Q E L K T D P A G	V F V L P	1222
CEleg	V R S I V G Q T T R	L H L L V H R R S E	H D G V P D D L L K	V Y T A S G C M K V	V D S V L	1129
human	P R G V Q D L H V G	V R P L R A G S R F	V H L N L V D V D C	H Q L V A S W L V C	L C C R Q	1327
mouse	P H G V Q D L H V G	V R P R R A G S R F	V H L N L V D I D Y	H Q L V A S W L V C	L S C R Q	1267
CEleg	T E R T P T A T I D	F T P N F I G T K K	L V V S V V N T N T	L K L E R G F L V Y	G K S E A	1174
human	P L I S K A F E I M	L A A G E G K G V N	K R I T Y T N F Y P	S R R T F H L H S D	H P E L L	1372
mouse	P L I S K A F E I T	M A A G D E K G T N	K R I T Y T N P Y P	S R R T Y R L H S D	R P E L L	1312
CEleg	P R I T Q K F V I Q	I P S S D E A I R K	V C	1196
human	R F R E D S F Q V G	G G E T Y T I G L Q	F A P S Q R V G E E	E I L I Y I N D H E	D K N E E	1417
mouse	R F K E D S F Q V A	G G E T Y T I G L R	F L P S G S A G Q E	E I L I Y I N D H E	D K N E E	1357
CEleg	1196
	ER					
human	A F C V K V I Y Q					1426
mouse	T F C V K V L Y Q					1366
CEleg					1196

Figure 6

GACGCGAGGCGGGTCTCTGGACTGAGTGTGCGGCGCGGTGCGCGCCTTCCGAGGCTCC
TCCCGCGGGTGGCAGCGGACGGGGCGCGCCCTCGGCCAGTCTCGGTCTCAGGCTTG
TGGCTCCGTTGAGCACCGGCCGCGGGCTCTGGGTCCGTGAGTGGAGACTCTCTGAA
AAGCGTGGGCTCCGTGGCCTCCGGCGCGGCCGCGGGTCCGTCTCTAGATCATCCG
GGAAGCCACGGGACCCTCAGGCGGGCAGG
-----|-----|-----|-----|-----|
1 ATGAACGACTGGCACAGGATCTTCACCCAAAACGTGCTGTCCCTCCCAACCCACAGAGA 60
1 M N D W H R I F T Q N V L V P P H P Q R 20
-----|-----|-----|-----|-----|
61 GCGCGCCAGCCTTGAAGGAATCCACGGCATTCCAGTGTGCTCAAGTGGCTGGAGGGA 120
21 A R Q P W K E S T A F Q C V L K W L D G 40
-----|-----|-----|-----|-----|
121 CCGTAATTAGGCGGGCGTGTGGAGTACTGTCAGAGGTGAATGCCATCTGCGAGTG 180
41 P V I R Q G V L E V L S E V E C H L R V 60
-----|-----|-----|-----|-----|
181 TCTTTCTTTGATGTCACCTACCGGCACTTCTTTGGGAGGACGTGGAACCCACAGTGAAG 240
61 S F F D V T Y R H F F G R T W K T T V K 80
-----|-----|-----|-----|-----|
241 CCGACGAAGAGACCGCCGTCAGGATCGTCTTTAATGAGCCCTGTATTTTCACACATCC 300
81 P T K R P P S R I V F N E P L Y F H T S 100
-----|-----|-----|-----|-----|
301 CTAACCCACCTCATATCGTGGCTGTGGTGGAAAGTGGTCGCTGAGGGCAAGAAACGGGAT 360
101 L N H P H I V A V V E V V A E G K K R D 120
-----|-----|-----|-----|-----|
361 GGGAGCCTCCAGACATTGTCCTGTGGGTTTGAATTCTTCGGATCTTCAGCAACCAGCCG 420
121 G S L Q T L S C G F G I L R I F S N Q P 140
-----|-----|-----|-----|-----|
421 GACTTCCTATCTCTGCTTCCAGGACAAAAGGTTGCGGCTGTACCATGGCACCCCCAGA 480
141 D S P I S A S Q D K R L R L Y H G T P R 160
-----|-----|-----|-----|-----|
481 GCCCTCCTGCACCCGCTTCTCCAGGACCCCGCAGAGCAAAACAGACACATGACCCCTCATT 540
161 A L L H P L L Q D P A E Q N R H M T L I 180
-----|-----|-----|-----|-----|
541 GAGAACTGCAGCCTGCAGTACAGCTGAAGCCACACCCGGCCCTGGAGCCTGCGTTCCAC 600
181 E N C S L Q Y T L K P H P A L E P A F H 200
-----|-----|-----|-----|-----|
601 CTCTTCCTGAGAACCTTCTGGTGTCTGGTCTGCAGCAGATACCTGGCCTGCTTCCAGCT 660
201 L L P E N L L V S G L Q Q I P G L L P A 220
-----|-----|-----|-----|-----|
661 CATGGAGAATCCGGCGACGCTCTCCGAAAGCCTCGCCTCCAGAAGCCCATCACGGGGCAC 720
221 H G E S G D A L R K P R L Q K P I T G H 240
-----|-----|-----|-----|-----|
721 TTGGATGACTTATTCTTCACCTGTACCCCTCCCTGGAGAAGTTTGAGGAAGAGCTGCTG 780
241 L D D L F F T L Y P S L E K F E E E L L 260
-----|-----|-----|-----|-----|
781 GAGCTCCACGTCCAGGACCACTTCCAGGAGGGATGTGGCCCACTGGACGGTGGTGCCTG 840
261 E L H V Q D H F Q E G C G P L D G G A L 280
-----|-----|-----|-----|-----|
841 GAGATCCTGGAGCGGCGCCTGCGTGTGGGCGTGCACAATGGTCTGGGCTTCGTGCAGAGG 900
281 E I L E R R L R V G V H N G L G F V Q R 300
-----|-----|-----|-----|-----|

Exon 1

Exon 2

Exon 3

Exon 4

Exon 5

Exon 6

Exon 7

Exon 8

901 CCGCAGGTCGTTGTACTGGTGCCTGAGATGGATGTGGCCTTGACGCGCTCAGCTAGCTTC 960
301 P Q V V V L V P E M D V A L T R S A S F 320

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
961 AGCAGGAAAGTGGTCTCCTCTTCCAAGACCAGCTCCGGGAGCCAAGCTCTGGTTTTGAGA 1020
321 S R K V V S S S K T S S G S Q A L V L R 340

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1021 AGCCGCTCCGCTCCAGAGATGGTCGGCCACCTGCATTTCGGGTCATCTTCCAGCTG 1080
341 S R L R L P E M V G H P A F A V I F Q L 360

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1081 GAGTACGTGTTTCCAGAGCTGCAGGAGTGGACGGCAATGCAGCTTCGGTCACCTCTCTG 1140
361 E Y V F S S P A G V D G N A A S V T S L 380

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1141 TCCAACCTGGCATGCATGCACATGGTCCGCTGGGCTGTTTGGAAACCCCTTGCTGGAAGCT 1200
381 S N L A C M H M V R W A V W N P L L E A 400

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1201 GATTCTGGAAGGGTGACCCTGCTCTGCAGGGTGGGATCCAGCCCAACCCCTGCACTGT 1260
401 D S G R V T L P L Q G G I Q P N P S H C 420

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1261 CTGGTCTACAAGGTACCCTCAGCCAGCATGAGCTCTGAAGAGGTGAAGCAGGTGGAGTCG 1320
421 L V Y K V P S A S M S S E E V K Q V E S 440

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1321 GGTACACTCCGTTCCAGTTCTCGCTGGGCTCAGAAGAACACCTGGATGCACCCACGGAG 1380
441 G T L R F Q F S L G S E E H L D A P T E 460

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1381 CCTGTGAGTGGCCCAAAGTGGAGCGGCGCCTTCCAGGAAACACCCACGTCCTCCCTTCG 1440
461 P V S G P K V E R R P S R K P P T S P S 480

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1441 AGCCGCGCAGCGCCAGTACCTCGAGTTCTCGCTGCCCCGAGAACTCACCTGTGGGACCA 1500
481 S P P A P V P R V L A A P Q N S P V G P 500

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1501 GGGTTGTCAATTTCCAGCTGGCGGCTCCCGCGGTCCTCCGACTCAGCACTGCTTGGCC 1560
501 G L S I S Q L A A S P R S P T Q H C L A 520

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1561 AGGCCTACTTCACAGTACCCCATGGCTCTCAGGCCTCCCGGCGCCAGGCACAGGAGTTC 1620
521 R P T S Q L P H G S Q A S P A Q A Q E F 540

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1621 CCGTTGGAGGCGGATCTCTCCACCTGGAAGCCGACCTGAGCCAGACCTCCCTGGTCCTG 1680
541 P L E A G I S H L E A D L S Q T S L V L 560

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1681 GAAACATCCATTGCCGAACAGTTACAGGAGCTGCCGTTTCAGCCTTTGCATGCCCTATT 1740
561 E T S I A E Q L Q E L P F T P L H A P I 580

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1741 GTTGTGGGAACCCAGACCAGGAGCTCTGCAGGGCAGCCCTCGAGAGCCTCCATGGTGCTC 1800
581 V V G T Q T R S S A G Q P S R A S M V L 600

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1801 CTGCAGTCTCCGGCTTCCCGAGATTCTGGATGCCAATAAACAGCCAGCCGAGGCTGTC 1860
601 L Q S S G F P E I L D A N K Q P A E A V 620

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1861 AGCGCTACAGAACCTGTGACGTTTAAACCCTCAGAAGGAAGAATCAGATTGTCTACAAAGC 1920
621 S A T E P V T F N P Q K E E S D C L Q S 640

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1921 AACGAGATGGTGCTACAGTTTCTTGCTTTAGCAGAGTGGCCAGGACTGCCAGGAACA 1980
641 N E M V L Q F L A F S R V A Q D C R G T 660

Exon 9

Exon 10

Exon 11

Exon 12

Exon 13

Exon 14

Exon 15

Exon 16

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1981 TCATGGCCAAAGACTGTGTATTTCACCTTCCAGTTCTACCGCTTCCCACCCGCAACGACG 2040
661 S W P K T V Y F T F Q F Y R F P P A T T 680

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2041 CCACGACTGCAGCTGGTCCAGCTGGATGAGGCCGCCAGCCAGCTCTGGCGCCCTGACC 2100
681 P R L Q L V Q L D E A G Q P S S G A L T 700

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2101 CACATCCTCGTGCCTGTGAGCAGAGATGGCACCTTTGATGCTGGGTCTCCTGGCTTCCAG 2160
701 H I L V P V S R D G T F D A G S P G F Q 720

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2161 CTGAGGTACATGGTGGGCCCTGGGTTTCCTGAAGCCAGGTGAGCGGCGCTGCTTTGCCCGC 2220
721 L R Y M V G P G F L K P G E R R C F A R 740

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2221 TACCTGGCCGTCAGACCCTGCAGATTGACGTCTGGGACGGAGACTCCCTGCTGCTCATC 2280
741 Y L A V Q T L Q I D V W D G D S L L L I 760

-----|-----|-----|-----|-----|-----|--F3!C2335T
2281 GGATCTGCTGCCGTCCAGATGAAGCATCTCCTCCGCCAAGGCCGGCCGGCTGTGTAG--- 2340
761 G S A A V Q M K H L L R Q G R P A V X - 780

Exon 17

Exon 18

Figure 7.

GACGCGAGGCGGGTTCTTGGACTGAGTGTGCGGCGCGGTGCGCCGCCTTCCGAGGCTCC TCCGCGGGTGGCAGCGGACGGGCGCGCCCCCTCGGCCAGTCTCGGTCTCAGGCTTG TGGCTCCGTTGAGCACCGGCCCGGGGCTCTGGGTCCGTGAGTGGAGACTCTCTGAA AAGCGTGGGCTCCGTGGCTCCGGCGCGGCCGCGGGTCTCTAGATCATCCG GGAAGCCACGGGACCTCAGGCGGGCAGG ----- ----- ----- ----- ----- ----- 1 ATGAACGACTGGCACAGGATCTTCACCCAAACGTGCTTGTCCTCCCCACCCACAGAGA 60 1 M N D W H R I F T Q N V L V P P H P Q R 20	Exon 1
----- ----- ----- ----- ----- ----- 61 GCGCGCCAGCCTTGAAGGAATCCACGGCATTCCAGTGTGCTCAAGTGGCTGGACGGA 120 21 A R Q P W K E S T A F Q C V L K W L D G 40	Exon 2
----- ----- ----- ----- ----- ----- 121 CCGTAATTAGGCAGGGCGTGTGGAGGTACTGTGAGAGTTGAATGCCATCTGCGAGTG 180 41 P V I R Q G V L E V L S E V E C H L R V 60	Exon 3
----- ----- ----- ----- ----- ----- 181 TCTTTCTTTGATGTCACCTACCGGCACTTCTTTGGGAGGACGTGGAAAACACAGTGAAG 240 61 S F F D V T Y R H F F G R T W K T T V K 80	
----- ----- ----- ----- ----- ----- 241 CCGACGAAGAGACCGCCGTCAGGATCGTCTTTAATGAGCCCTGTATTTTCACACATCC 300 81 P T K R P P S R I V F N E P L Y F H T S 100	
----- ----- ----- ----- ----- ----- 301 CTAAACCACCCCTCATATCGTGGCTGTGGTGAAGTGGTCGCTGAGGGCAAGAAACGGGAT 360 101 L N H P H I V A V V E V V A E G K K R D 120	Exon 4
----- ----- ----- ----- ----- ----- 361 GGGAGCCTCCAGACATTGTCCTGTGGGTTTGAATTCCTCGGATCTTCAGCAACCAGCCG 420 121 G S L Q T L S C G F G I L R I F S N Q P 140	
----- ----- ----- ----- ----- ----- 421 GACTCTCCTATCTCTGCTTCCCAGGACAAAAGTTGCGGCTGTACCATGGCACCCCCAGA 480 141 D S P I S A S Q D K R L R L Y H G T P R 160	Exon 5
----- ----- ----- ----- ----- ----- 481 GCCCTCCTGCACCGCTTCTCCAGGACCCCGCAGAGCAAAACAGACACATGACCCTCATT 540 161 A L L H P L L Q D P A E Q N R H M T L I 180	
----- ----- ----- ----- ----- ----- 541 GAGAACTGCAGCCTGCAGTACAGCTGAAGCCACACCGGGCCCTGGAGCCTGCGTTCAC 600 181 E N C S L Q Y T L K P H P A L E P A F H 200	Exon 6
----- ----- ----- ----- ----- ----- 601 CTTCTTCCTGAGAACCTTCTGGTGTCTGGTCTGCAGCAGATACCTGGCCTGCTTCCAGCT 660 201 L L P E N L L V S G L Q Q I P G L L P A 220	
----- ----- ----- ----- ----- ----- 661 CATGGAGAATCCGGCGACGCTCTCCGAAAGCCTCGCCTCCAGAAGCCCATCACGGGGCAC 720 221 H G E S G D A L R K P R L Q K P I T G H 240	Exon 7
----- ----- ----- ----- ----- ----- 721 TTGGATGACTTATTCTTCACCCTGTACCCCTCCCTGGAGAAGTTGAGGAAGAGCTGCTG 780 241 L D D L F F T L Y P S L E K F E E E L L 260	
----- ----- ----- ----- ----- ----- 781 GAGCTCCACGTCCAGGACCACTTCCAGGAGGGAATGTGGCCCACTGGACGGTGGTGCCCTG 840 261 E L H V Q D H F Q E G C G P L D G G A L 280	
----- ----- ----- ----- ----- ----- 841 GAGATCCTGGAGCGGCGCCTGCGTGTGGGCGTGACAATGGTCTGGGCTTCGTGCAGAGG 900 281 E I L E R R L R V G V H N G L G F V Q R 300	Exon 8

```

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
901 CCGCAGGTGGTGTACTGGTGCCTGAGATGGATGTGGCCTTGACGCGCTCAGCTAGCTTC 960
301 P Q V V V L V P E M D V A L T R S A S F 320

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
961 AGCAGGAAAGTGGTCTCCTCTTCCAAGACCAGCTCCGGGAGCCAAGCTCTGGTTTGTAGA 1020
321 S R K V V S S S K T S S G S Q A L V L R 340

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1021 AGCGCCTCCGCCTCCCAGAGATGGTCGGCCACCCTGCATTTCGGGTCATCTTCCAGCTG 1080
341 S R L R L P E M V G H P A F A V I F Q L 360

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1081 GAGTACGTGTTTCAGCAGCCTGCAGGAGTGGACGGCAATGCAGCTTCGGTCACCTCTCTG 1140
361 E Y V F S S P A G V D G N A A S V T S L 380

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1141 TCCAACTGGCATGCATGCACATGGTCCGCTGGGCTGTTTGGAAACCCCTTGCTGGAAGCT 1200
381 S N L A C M H M V R W A V W N P L L E A 400

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1201 GATTCTGGAAGGGTGACCCTGCCTCTGCAGGGTGGGATCCAGCCCAACCCCTCGCACTGT 1260
401 D S G R V T L P L Q G G I Q P N P S H C 420

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1261 CTGGTCTACAAGGTACCCTCAGCCAGCATGAGCTCTGAAGAGGTGAAGCAGGTGGAGTCG 1320
421 L V Y K V P S A S M S S E E V K Q V E S 440

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1321 GGTACACTCCGGTTCAGTTCTCGCTGGGCTCAGAAGAACACCTGGATGCACCCACGGAG 1380
441 G T L R F Q F S L G S E E H L D A P T E 460

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1381 CCTGTCACTGGCCCCAAAGTGGAGCGGGCGCTTCCAGGAAACCCACGTCCTCCCTTCG 1440
461 P V S G P K V E R R P S R K P P T S P S 480

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1441 AGCCCGCCAGCGCCAGTACCTCGAGTTCTCGCTGCCCCGAGAACTCACCTGTGGGACCA 1500
481 S P P A P V P R V L A A P Q N S P V G P 500

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1501 GGGTGTCAATTTCCAGCTGGCGGCCTCCCCGGGTCCCGACTCAGCACTGCTTGGCC 1560
501 G L S I S Q L A A S P R S P T Q H C L A 520

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1561 AGGCTACTTCACAGCTACCCATGGCTCTCAGGCCTCCCCGGCCAGGCACAGGAGTTC 1620
521 R P T S Q L P H G S Q A S P A Q A Q E F 540

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1621 CCGTTGGAGCCGGTATCTCCACCTGGAAGCCGACCTGAGCCAGACCTCCCTGGTCCTG 1680
541 P L E A G I S H L E A D L S Q T S L V L 560

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1681 GAAACATCCATTGCCGAACAGTTACAGGAGCTGCCGTTTACGCCTTTGCATGCCCTATT 1740
561 E T S I A E Q L Q E L P F T P L H A P I 580

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1741 GTTGTGGGAACCCAGACCAGGAGCTCTGCAGGGCAGCCCTCGAGAGCCTCCATGGTGCTC 1800
581 V V G T Q T R S S A G Q P S R A S M V L 600

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1801 CTGCAGTCTCCGGCTTTCCCGAGATTCTGGATGCCAATAAACAGCCAGCCGAGGCTGTC 1860
601 L Q S S G F P E I L D A N K Q P A E A V 620

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1861 AGCGTACAGAACCTGTGACGTTTAACCTCAGAAGGAAGAATCAGATTGTCTACAAAGC 1920
621 S A T E P V T F N P Q K E E S D C L Q S 640

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1921 AACGAGATGGTGCTACAGTTTCTTGCTTTAGCAGAGTGGCCAGGACTGCCAGGAACA 1980
641 N E M V L Q F L A F S R V A Q D C R G T 660

```

Exon 9

Exon 10

Exon 11

Exon 12

Exon 13

Exon 14

Exon 15

Exon 16


```

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1981 TCATGGCCAAAGACTGTGTATTTCACCTTCCAGTTCTACCGCTTCCCACCCGCAACGACG 2040
661 S W P K T V Y F T F Q F Y R F P P A T T 680

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2041 CCACGACTGCAGCTGGTCCAGCTGGATGAGGCCGCCAGCCAGCTCTGGCGCCCTGACC 2100
681 P R L Q L V Q L D E A G Q P S S G A L T 700

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2101 CACATCCTCGTGCCTGTGAGCAGAGATGGCACCTTTGATGCTGGGTCTCCTGGCTTCCAG 2160
701 H I L V P V S R D G T F D A G S P G F Q 720

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2161 CTGAGGTACATGGTGGGCCCTGGGTTCTGAAGCCAGGTGAGCGGCGCTGCTTTGCCCGC 2220
721 L R Y M V G P G F L K P G E R R C F A R 740

-----|-----|-----|-----|-----F241G2260A-----|
2221 TACCTGGCCGTGCAGACCTGCAGATTGACGCTGGGACAGAGACTCCCTGCTGCTCATC 2280
741 Y L A V Q T L Q I D V W D R D S L L L I 760

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2281 GGATCTGTGCCGTCCAGATGAAGCATCTCCTCCGCCAAGGCCGGCCGGCTGTGCAGGCC 2340
761 G S A A V Q M K H L L R Q G R P A V Q A 780

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2341 TCCACGAGCTTGAGGTGCTGGCAACTGAATACGAGCAGGACAACATGGTGGTGAGTGGA 2400
781 S H E L E V V A T E Y E Q D N M V V S G 800

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2401 GACATGCTGGGGTTTGGCCGCGTCAAGCCCATCGGCGTCCACTCGGTGGTGAAGGGCCGG 2460
801 D M L G F G R V K P I G V H S V V K G R 820

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2461 CTGCACCTGACTTTGGCCAACGTGGGTACCCGTGTGAACAGAAAGTGAGAGTTGTAGC 2520
821 L H L T L A N V G H P C E Q K V R G C S 840

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2521 ACATTGCCACCGTCCAGATCTCGGGTCATCTCAAACGATGGAGCCAGCCGCTTCTCTGGA 2580
841 T L P P S R S R V I S N D G A S R F S G 860

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2581 GGCAGCCTCTCAGACTGGAAGCTCAAGGCCGAAAACACGTGGTGCAAGCACAGAAAGCTG 2640
861 G S L L T T G S S R R K H V V Q A Q K L 880

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2641 GCGGACGTGGACAGTGAGCTGGCTGCCATGCTACTGACCCATGCCCGGCAGGGCAAGGGG 2700
881 A D V D S E L A A M L L T H A R Q G K G 900

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2701 CCCAGGACGTGACCCGCGAGTCGGATGCCACCCGAGGCGTAAGCTGGAGCGGATGAGG 2760
901 P Q D V S R E S D A T R R R K L E R M R 920

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2761 TCTGTGCGCTGCAGGAGGCCGGGGGAGACTTGGGCCGGCGGGGACGAGCGTGTTGGCG 2820
921 S V R L Q E A G G D L G R R G T S V L A 940

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2821 CAGCAGAGCGTCCGCACACAGCACTTGCGGGACCTACAGGTATCGCCGCCTACCGGGAA 2880
941 Q Q S V R T Q H L R D L Q V I A A Y R E 960

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2881 CGCACGAAGGCCGAGAGCATCGCCAGCCTGCTGAGCCTGGCCATCACACGAGCACACG 2940
961 R T K A E S I A S L L S L A I T T E H T 980

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2941 CTCCACGCCACGCTGGGGTTCGCGAGTTCTTTGAGTTGTGCTTAAGAACCCCAAC 3000
981 L H A T L G V A E F F E F V L K N P H N 1000

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3001 ACACAGCACACGGTGACTGTGGAGATCGACAACCCGAGCTCAGCGTCATCGTGACAGT 3060

```

Exon 17

Exon 18

Exon 19

Exon 20

Exon 21

1001 T Q H T V T V E I D N P E L S V I V D S 1020

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3061 CAGGAGTGGAGGGACTTCAAGGGTGTCTGCTGGCCTGCACACACCGGTGGAGGAGGACATG 3120
1021 Q E W R D F K G A A G L H T P V E E D M 1040

Exon 22

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3121 TTCCACCTGCGTGGCAGCCTGGCCCCCAGCTCTACCTGCGCCCCACGAGACCGCCAC 3180
1041 F H L R G S L A P Q L Y L R P H E T A H 1060

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3181 GTCCCCCTTCAAGTTCCAGAGCTTCTCTGCAGGGCAGCTGGCCATGGTGCAGGCCTCTCCT 3240
1061 V P F K F Q S F S A G Q L A M V Q A S P 1080

Exon 23

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3241 GGGTTGAGCAACGAGAAGGGCATGGACGCGGTGTACCTTGGAAAGTCCAGCGCAGTGCCC 3300
1081 G L S N E K G M D A V S P W K S S A V P 1100

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3301 ACTAAACACGCCAAGGTCTTGTTCCGAGCGAGTGGTGGCAAGCCCATCGCCGTGCTCTGC 3360
1101 T K H A K V L F R A S G G K P I A V L C 1120

Exon 24

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3361 CTGACTGTGGAGCTGCAGCCCCACGTGGTGGACCAGGTCTTCGCTTCTATCACCCGGAG 3420
1121 L T V E L Q P H V V D Q V F R F Y H P E 1140

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3421 CTCTCCTTCTGAAGAAGGCCATCCGCCTGCCGCCCTGGCACACATTTCCAGGTGCTCCG 3480
1141 L S F L K K A I R L P P W H T F P G A P 1160

Exon 25

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3481 GTGGGAATGCTTGGTGAGGACCCCCAGTCCATGTTCGCTGCAGCGACCCGAACGTCATC 3540
1161 V G M L G E D P P V H V R C S D P N V I 1180

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3541 TGTGAGACCCAGAATGTGGGCCCGGGGAACACGGGACATATTTCTGAAGGTGGCCAGT 3600
1181 C E T Q N V G P G E P R D I F L K V A S 1200

Exon 26

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3601 GGTCCAAGCCCGAGATCAAAGACTTCTTTGTCTCATTTACTCGGATCGCTGGCTGGCG 3660
1201 G P S P E I K D F F V I I Y S D R W L A 1220

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3661 ACACCCACACAGACGTGGCAGGTCTACCTCCACTCCCTGCAGCGCGTGGATGTCTCCTGC 3720
1221 T P T Q T W Q V Y L H S L Q R V D V S C 1240

Exon 27

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3721 GTCGAGGCCAGCTGACCCGCTGTCCCTTGCTCCTCGGGGGACACAGACAGTGAGGAAA 3780
1241 V A G Q L T R L S L V L R G T Q T V R K 1260

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3781 GTGAGAGCTTTCACCTCTCATCCCCAGGAGCTGAAGACAGACCCCAAAGGTGTCTTCGTG 3840
1261 V R A F T S H P Q E L K T D P K G V F V 1280

Exon 28

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3841 CTGCCGCTCGTGGGGTGCAGGACCTGCATGTTGGCGTGAGGCCCTTAGGGCCGGCAGC 3900
1281 L P P R G V Q D L H V G V R P L R A G S 1300

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3901 CGCTTTGTCCATCTCAACCTGGTGGACGTGGATTGCCACCAGCTGGTGGCCTCCTGGCTC 3960
1301 R F V H L N L V D V D C H Q L V A S W L 1320

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3961 GTGTGCCTCTGCTGCCGCCAGCCGCTCATCTCCAAGGCCCTTGAGATCATGTTGGCTGCG 4020
1321 V C L C C R Q P L I S K A F E I M L A A 1340

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4021 GGCGAAGGGAAGGGTGTCAACAAGAGGATCACCTACACCAACCCCTACCCCTCCCGGAGG 4080
1341 G E G K G V N K R I T Y T N P Y P S R R 1360

Exon 29

-----|-----|-----|-----|-----|-----|

4081 ACATTCCACCTGCACAGCGACCACCCGGAGCTGCTGCGGTTTCAGAGAGGACTCCTTCCAG 4140
1361 T F H L H S D H P E L L R F R E D S F Q 1380

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4141 GTCGGGGGTGGAGAGACCTACACCATCGGCTTGCAGTTTGCGCCTAGTCAGAGAGTGGGT 4200
1381 V G G G E T Y T I G L Q F A P S Q R V G 1400

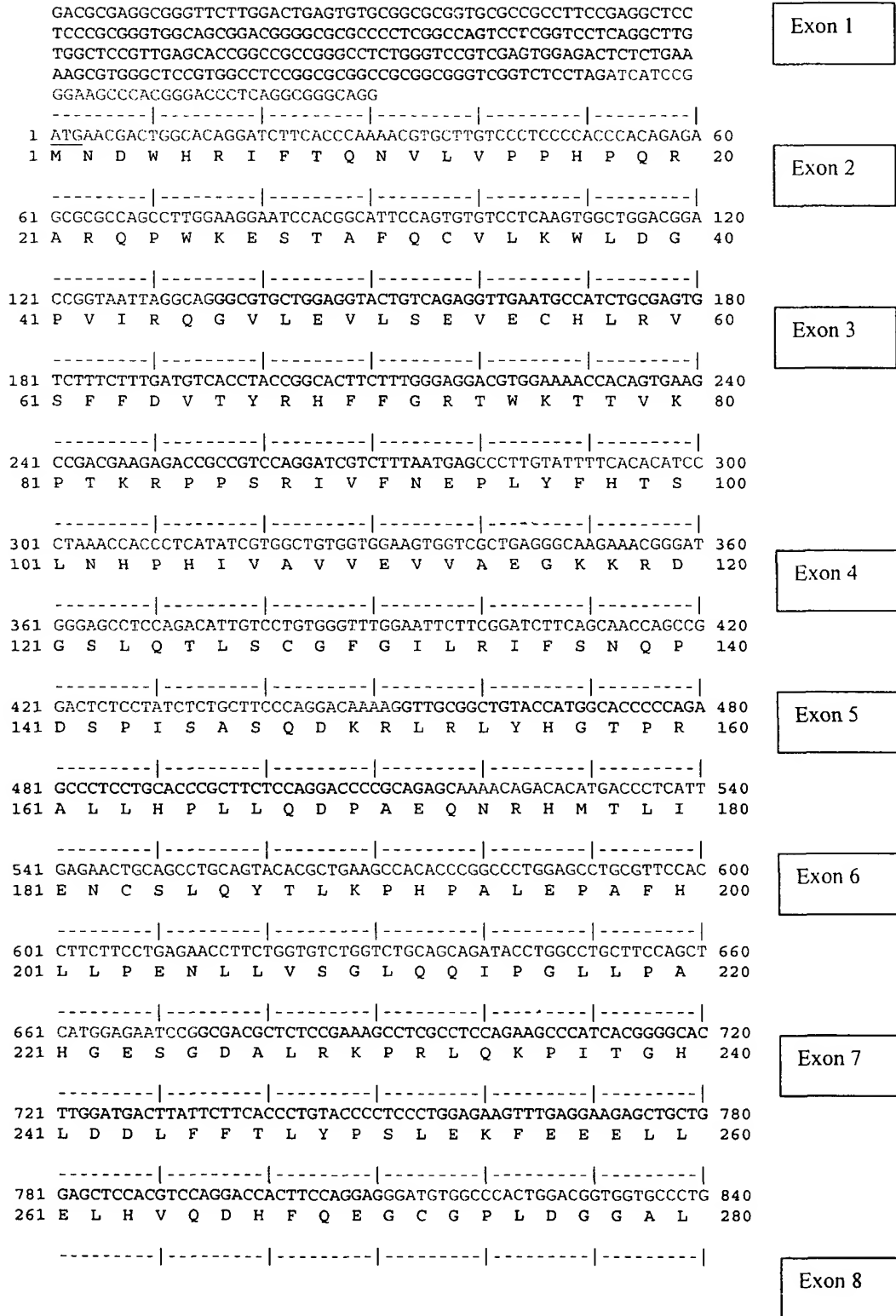
Exon 30

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4201 GAGGAGGAGATCCTGATCTACATCAATGACCATGAGGACAAAAACGAAGAGGCATTTTGC 4260
1401 E E E I L I Y I N D H E D K N E E A F C 1420

-----|-----|-----|
4261 GTGAAGGTCATCTACCAGTGA 4281
1421 V K V I Y Q * 1426

GGGCTTGAGGGTGACGTCCCTTCC TGCGGCACCCAGCTGGGGCCTGTCTGTGCCCTCCCTG
CCCTGCAGGCTGTCCCTCCCGCCTCTCTGCAGCCTTTCACCTTCAGTGCCCACCTGGCTGA
CCTGTGCACTTGGCTGAGGAAGCAGAGACCGAGCGCTGGTCATTTTGTAGTACCTGCATC
CAGCTTAGCTGCTGCTGACACCCAGCAGGCCTGGGTTCCTGTAGCGCGAACTCCGTGGTG
GTGGGTCTGGCTCTGGTGCTGCCATCTACGCATGTGGGACCCCTCGTTATCGCTGTTGCTC
AAAATGTATTTTATGAATCATCCTAAATGAGAAAATTATGTTTTCTTACTGGATTTTGT
ACAAACATAATCTATTATTGCTATGCAATATTTATGCTGGTATTATATCTGTTTTTTA
AATTGTTGAACAAAATACTAACTTTT

Figure 8



841 GAGATCCTGGAGCGGCGCCTGCGTGTGGGCGTGCACAATGGTCTGGGCTTCGTGCAGAGG 900
 281 E I L E R R L R V G V H N G L G F V Q R 300
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 901 CCGCAGGTGCGTTGTACTGGTGCCTGAGATGGATGTGGCCTTGACGCGCTCAGCTAGCTTC 960
 301 P Q V V V L V P E M D V A L T R S A S F 320
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 961 AGCAGGAAAGTGGTCTCCTCTTCCAAGACCACTCCGGGAGCCAAGCTCTGGTTTTGAGA 1020
 321 S R K V V S S S K T S S G S Q A L V L R 340
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1021 AGCCGCTCCGCTCCAGAGATGGTCCGCCACCCTGCATTTGCGGTATCTTCCAGCTG 1080
 341 S R L R L P E M V G H P A F A V I F Q L 360
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1081 GAGTACGTGTTTACGAGCCCTGCAGGAGTGGACGGCAATGCAGCTTCGGTCACCTCTCTG 1140
 361 E Y V F S S P A G V D G N A A S V T S L 380
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1141 TCCAACCTGGCATGCATGCACATGGTCCGCTGGGCTGTTTGGAAACCCTTGCTGGAAGCT 1200
 381 S N L A C M H M V R W A V W N P L L E A 400
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1201 GATTCTGAAGGGTGACCTGCCTCTGCAGGGTGGGATCCAGCCCAACCCTCGCACTGT 1260
 401 D S G R V T L P L Q G G I Q P N P S H C 420
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1261 CTGGTCTACAAGGTACCCTCAGCCAGCATGAGCTCTGAAGAGGTGAAGCAGGTGGAGTCG 1320
 421 L V Y K V P S A S M S S E E V K Q V E S 440
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1321 GGTACACTCCGGTTCCAGTTCTCGCTGGGCTCAGAAGAACCTGGATGCACCCACGGAG 1380
 441 G T L R F Q F S L G S E E H L D A P T E 460
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1381 CCTGTCACTGGCCCCAAAGTGGAGCGGCGCCTTCCAGGAAACCACCCACGTCCCCTTCG 1440
 461 P V S G P K V E R R P S R K P P T S P S 480
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1441 AGCCCGCCAGCGCCAGTACCTCGAGTTCTCGCTGCCCGCAGAACTCACCTGTGGGACCA 1500
 481 S P P A P V P R V L A A P Q N S P V G P 500
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1501 GGGTTGTCAATTTCCAGCTGGCGGCCTCCCCGCGGTCCCGACTCAGCACTGCTTGGCC 1560
 501 G L S I S Q L A A S P R S P T Q H C L A 520
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1561 AGGCCTACTTCACAGCTACCCCATGGCTCTCAGGCCTCCCCGCCCCAGGCACAGGAGTTC 1620
 521 R P T S Q L P H G S Q A S P A Q A Q E F 540
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1621 CCGTTGGAGGCCGTATCTCCACCTGGAAGCCGACCTGAGCCAGACCTCCCTGGTCTCTG 1680
 541 P L E A G I S H L E A D L S Q T S L V L 560
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1681 GAAACATCCATTGCCGAACAGTTACAGGAGCTGCCGTTACGCCTTTGCATGCCCTATT 1740
 561 E T S I A E Q L Q E L P F T P L H A P I 580
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1741 GTTGTGGGAACCCAGACCAGGAGCTCTGCAGGGCAGCCCTCGAGAGCCTCCATGGTGTCT 1800
 581 V V G T Q T R S S A G Q P S R A S M V L 600
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1801 CTGCAGTCTCCGCTTTCCCGAGATTCTGGATGCCAATAAACAGCCAGCCGAGGCTGTC 1860
 601 L Q S S G F P E I L D A N K Q P A E A V 620
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1861 AGCGCTACAGAACCTGTGACGTTTAACCCTCAGAAGGAAGAATCAGATTGTCTACAAAGC 1920
 621 S A T E P V T F N P Q K E E S D C L Q S 640

Exon 9

Exon 10

Exon 11

Exon 12

Exon 13

Exon 14

Exon 15

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1921 AACGAGATGGTGCTACAGTTTCTTGCCCTTAGCAGAGTGGCCCAGGACTGCCGAGGAACA 1980
641 N E M V L Q F L A F S R V A Q D C R G T 660

Exon 16

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1981 TCATGGCCAAAGACTGTGTATTTACCTTCCAGTTCTACCGCTTCCCACCCGCAACGACG 2040
661 S W P K T V Y F T F Q F Y R F P P A T T 680

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2041 CCACGACTGCAGCTGGTCCAGCTGGATGAGGCCGCCAGCCAGCTCTGGCGCCCTGACC 2100
681 P R L Q L V Q L D E A G Q P S S G A L T 700

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2101 CACATCCTCGTGCCTGTGAGCAGAGATGGCACCTTTGATGCTGGGTCTCCTGCCTTCCAG 2160
701 H I L V P V S R D G T F D A G S P G F Q 720

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2161 CTGAGGTACATGGTGGGCCCTGGGTTCCCTGAAGCCAGGTGAGCGGCGTGCTTTGCCCGC 2220
721 L R Y M V G P G F L K P G E R R C F A R 740

Exon 17

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2221 TACCTGGCCGTGCAGACCCTGCAGATTGACGTCTGGGACGGAGACTCCCTGCTGCTCATC 2280
741 Y L A V Q T L Q I D V W D G D S L L L I 760

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2281 GGATCTGCTGCCGTCCAGATGAAGCATCTCCTCCGCCAAGGCCGCCGCTGTGCAGGCC 2340
761 G S A A V Q M K H L L R Q G R P A V Q A 780

Exon 18

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2341 TCCCACGAGCTTGAGGTCTGGCAACTGAATACGAGCAGGACAACATGGTGGTGAGTGA 2400
781 S H E L E V V A T E Y E Q D N M V V S G 800

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2401 GACATGCTGGGGTTTGGCCGCGTCAAGCCCATCGGCGTCCACTCGGTGGTGAAGGGCCGG 2460
801 D M L G F G R V K P I G V H S V V K G R 820

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2461 CTGCACCTGACTTTGGCCAACTGGGTCAACCCGTGTGAACAGAAAGTGAGAGTTGTAGC 2520
821 L H L T L A N V G H P C E Q K V R G C S 840

Exon 19

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2521 ACATTGCCACCGTCCAGATCTCGGGTCATCTCAAACGATGGAGCCAGCCGCTTCTCTGGA 2580
841 T L P P S R S R V I S N D G A S R F S G 860

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2581 GGCAGCCTCCTCAGACTGGAAGCTCAAGGCGAAAACAGTGGTGCAAGCACAGAAGCTG 2640
861 G S L L T T G S S R R K H V V Q A Q K L 880

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2641 GCGGACGTGGACAGTGAGCTGGCTGCCATGCTACTGACCCATGCCCGCAGGGCAAGGGG 2700
881 A D V D S E L A A M L L T H A R Q G K G 900

Exon 20

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2701 CCCCAGGACGTCAGCCGCGAGTCGGATGCCACCCGAGGCGTAAGCTGGAGCGGATGAGG 2760
901 P Q D V S R E S D A T R R R K L E R M R 920

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2761 TCTGTGCGCCTGCAGGAGGCCGGGGGAGACTTGGGCCGCGCGGGACGAGCGTGTGGCG 2820
921 S V R L Q E A G G D L G R R G T S V L A 940

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2821 CAGCAGAGCGTCCGCACACAGCACTTGGGGACCTACAGGTATCGCCGCTACCGGGAA 2880
941 Q Q S V R T Q H L R D L Q V I A A Y R E 960

Exon 21

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2881 CGCACGAAGGCCGAGAGCATCGCCAGCCTGCTGAGCCTGGCCATCACCACGGAGCACACG 2940
961 R T K A E S I A S L L S L A I T T E H T 980

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2941 CTCCACGCCACGCTGGGGTTCGCCGAGTTCTTTGAGTTTGTGCTTAAGAACCCCCACAAC 3000
981 L H A T L G V A E F F E F V L K N P H N 1000

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3001 ACACAGCACACGGTGA CTGTGGAGATCGACAACCCGAGCTCAGCGTCATCGTGGACAGT 3060
1001 T Q H T V T V E I D N P E L S V I V D S 1020

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3061 CAGGAGTGGAGGGACTTCAAGGGTGCTGCTGGCCTGCACACACCGGTGGAGGAGGACATG 3120
1021 Q E W R D F K G A A G L H T P V E E D M 1040

Exon 22

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3121 TTCCACCTGCGTGGCAGCCTGGCCCCCAGCTCTACCTGCGCCCCACGAGACCGCCAC 3180
1041 F H L R G S L A P Q L Y L R P H E T A H 1060

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3181 GTCCCTTCAAGTTCCAGAGCTTCTCTGCAGGGCAGCTGGCCATGGTGCAGGCCTCTCCT 3240
1061 V P F K F Q S F S A G Q L A M V Q A S P 1080

-----|-----|-----F3013272delT-----|-----|-----|
3241 GGGTTGAGCAACGAGAAGGGCATGGACGCCGG-TACCTTGGAAAGTCCAGCGCAGTGCCC 3300
1081 G L S N E K G M D A G H L G S P A Q C F 1100

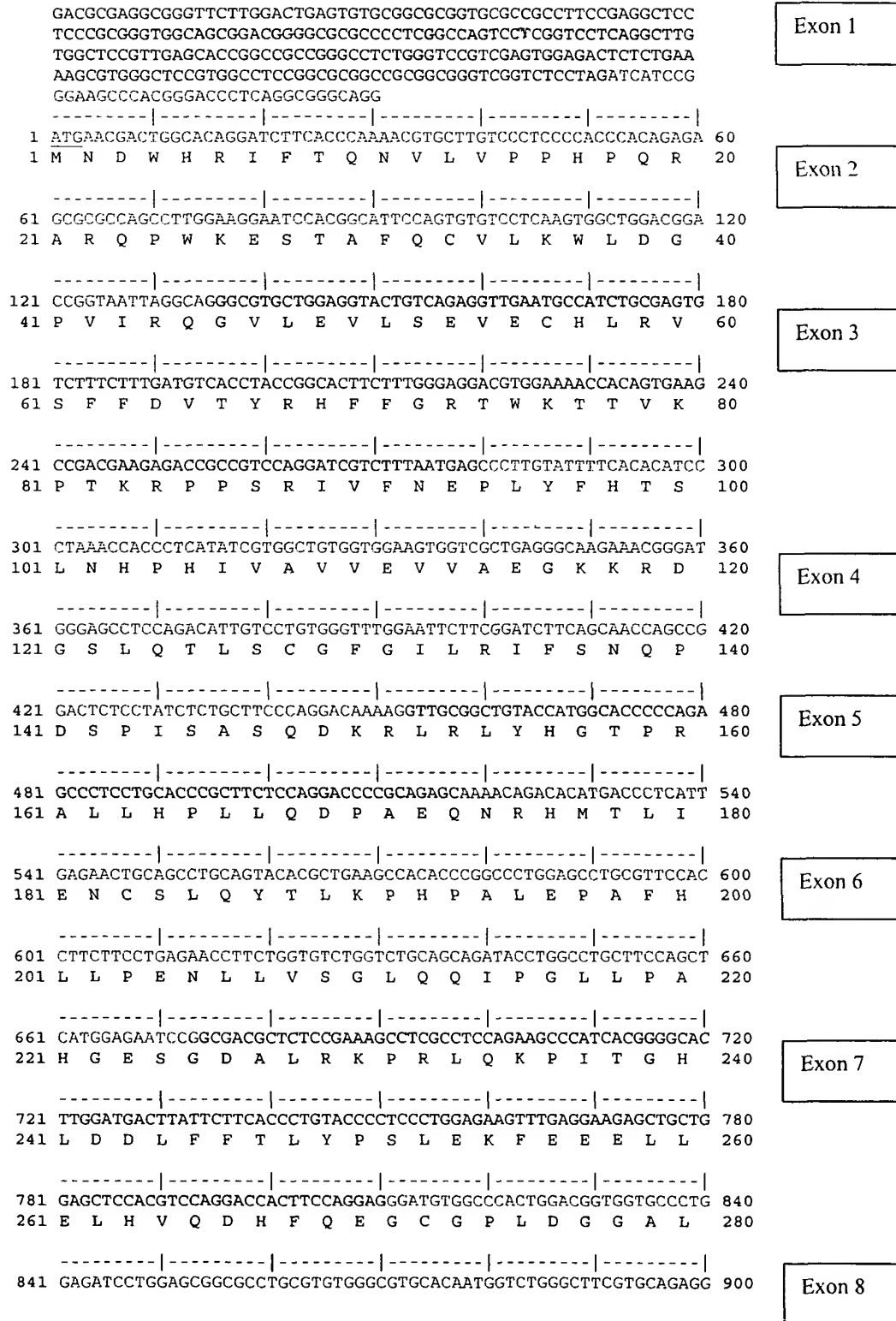
Exon 23

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3301 ACTAAACACGCCAAGGTCTTGTTCGAGCGAGTGGTGGCAAGCCCATCGCCGTGCTCTGC 3360
1101 L N T F R S C S E R V V A S P S P C S A 1120

Exon 24

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3361 CTGA
1121 X

Figure 9




```

281 E I L E R R L R V G V H N G L G F V Q R 300
-----|-----|-----|-----|-----|
901 CCGCAGGTCGTTGTACTGGTGCCTGAGATGGATGTGGCCTTGACGCGCTCAGCTAGCTTC 960
301 P Q V V V L V P E M D V A L T R S A S F 320
-----|-----|-----|-----|-----|
961 AGCAGGAAAGTGGTCTCCTCTTCCAAGACCAGCTCCGGGAGCCAAGCTCTGGTTTTGAGA 1020
321 S R K V V S S S K T S S G S Q A L V L R 340
-----|-----|-----|-----|-----|
1021 AGCCGCCTCCGCCTCCCAGAGATGGTCGGCCACCCTGCATTGCGGTCATCTTCAGCTG 1080
341 S R L R L P E M V G H P A F A V I F Q L 360
-----|-----|-----|-----|-----|
1081 GAGTACGTGTTTCAGCAGCCCTGCAGGAGTGGACGGCAATGCAGCTTCGGTCACCTCTCTG 1140
361 E Y V F S S P A G V D G N A A S V T S L 380
-----|-----|-----|-----|-----|
1141 TCCAACCTGGCATGCATGCACATGGTCCGCTGGGCTGTTTGGAAACCCCTTGCTGGAAGCT 1200
381 S N L A C M H M V R W A V W N P L L E A 400
-----|-----|-----|-----|-----|
1201 GATTCTGGAAGGGTGACCCTGCCTCTGCAGGGTGGGATCCAGCCCAACCCCTCGCACTGT 1260
401 D S G R V T L P L Q G G I Q P N P S H C 420
-----|-----|-----|-----|-----|
1261 CTGGTCTACAAGGTACCCTCAGCCAGCATGAGCTCTGAAGAGGTGAAGCAGGTGGAGTCG 1320
421 L V Y K V P S A S M S S E E V K Q V E S 440
-----|F321|TC1334-1335AA
1321 GGTACACTCCGGTAA
441 G T L R X

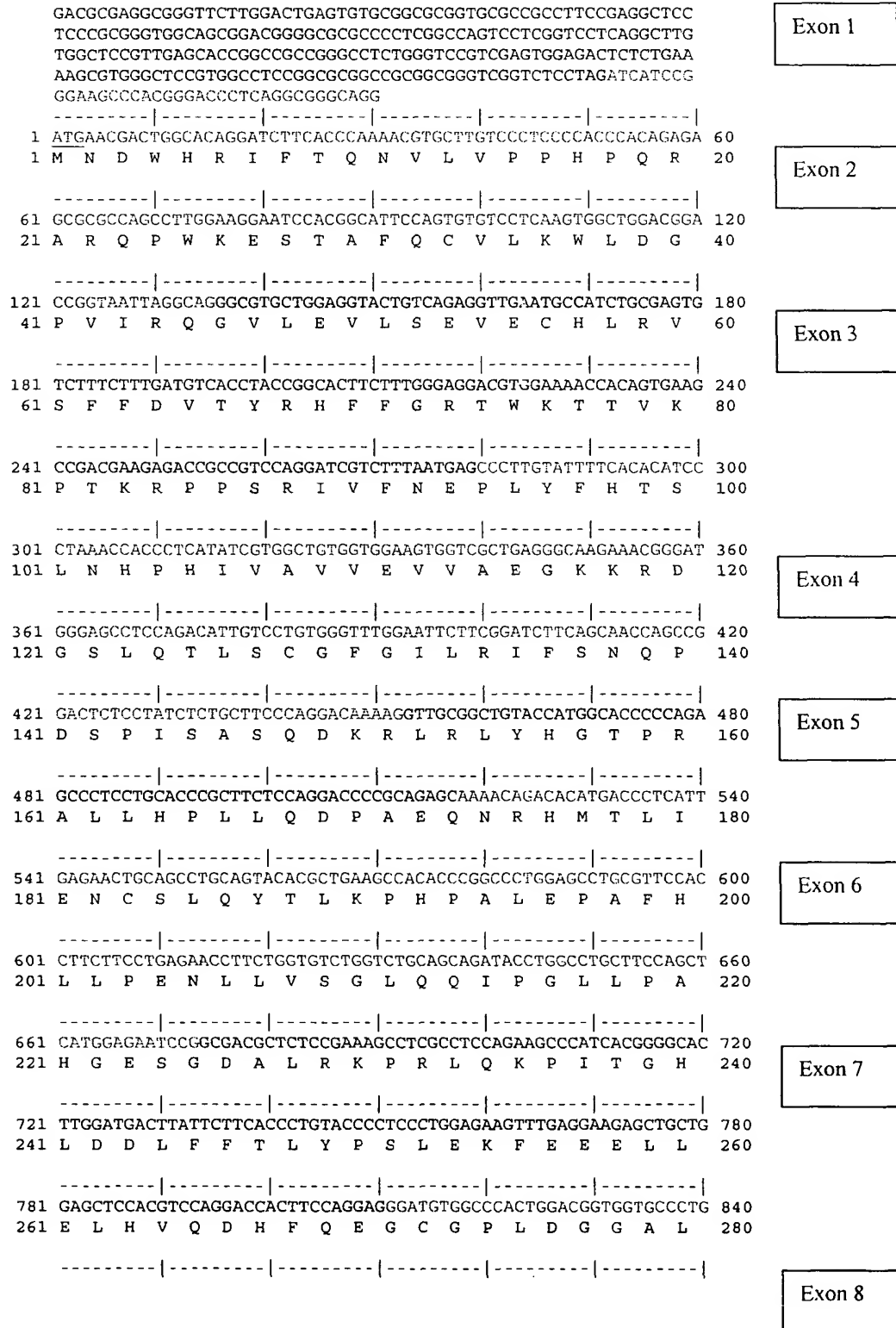
```

Exon 9

Exon 10

Exon 11

Figure 10



841 GAGATCCTGGAGCGGCGCCTGCGTGTGGGCGTGACAAATGGTCTGGGCTTCGTGCAGAGG 900
 281 E I L E R R L R V G V H N G L G F V Q R 300
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 901 CCGCAGGTCGTTGTAAGTGGTGCCTGAGATGGATGTGGCCTTGACGCGCTCAGCTAGCTTC 960
 301 P Q V V V L V P E M D V A L T R S A S F 320
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 961 AGCAGGAAAGTGGTCTCCTCTTCCAAGACCAGCTCCGGAGGCAAGCTCTGGTTTGTAGA 1020
 321 S R K V V S S S K T S S G S Q A L V L R 340
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1021 AGCGCGCTCCGCTCCAGAGATGGTCGGCCACCCTGCATTTGCGGTCTCTCCAGCTG 1080
 341 S R L R L P E M V G H P A F A V I F Q L 360
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1081 GAGTACGTGTTTACGAGCCCTGCAGGAGTGGACGGCAATGCAGCTTCGGTCACCTCTCTG 1140
 361 E Y V F S S P A G V D G N A A S V T S L 380
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1141 TCCAACCTGGCATGCATGCACATGGTCCGCTGGGCTGTTTGAACCCCTTGCTGGAAGCT 1200
 381 S N L A C M H M V R W A V W N P L L E A 400
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1201 GATTCTGGAAGGTGACCTGCCTCTGCAGGGTGGGATCCAGCCCAACCCCTCGCACTGT 1260
 401 D S G R V T L P L Q G G I Q P N P S H C 420
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1261 CTGGTCTACAAGGTACCTCAGCCAGCATGAGCTCTGAAGAGGTGAAGCAGGTGGAGTCG 1320
 421 L V Y K V P S A S M S S E E V K Q V E S 440
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1321 GGTACACTCCGGTTCCAGTTCTCGCTGGGCTCAGAAGAACCTGGATGCACCCACGGAG 1380
 441 G T L R F Q F S L G S E E H L D A P T E 460
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1381 CCTGTCACTGGGCCCCAAGTGGAGCGGCGGCCTTCCAGGAAACACCCACGTCCCTTCG 1440
 461 P V S G P K V E R R P S R K P P T S P S 480
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1441 AGCCCCCAGCGCCAGTACCTCGAGTTCTCGCTGCCCGCAGAACTCACCTGTGGGACCA 1500
 481 S P P A P V P R V L A A P Q N S P V G P 500
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1501 GGGTTGTCAATTTCCAGCTGGCGGCCTCCCGGGTCCCCGACTCAGCACTGCTTGGCC 1560
 501 G L S I S Q L A A S P R S P T Q H C L A 520
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1561 AGGCCTACTTACAGCTACCCCATGGCTCTCAGGCCTCCCGGCCAGGCACAGGAGTTC 1620
 521 R P T S Q L P H G S Q A S P A Q A Q E F 540
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1621 CCGTTGGAGGCCGGTATCTCCACCTGGAAGCCGACCTGAGCCAGACCTCCCTGGTCCTG 1680
 541 P L E A G I S H L E A D L S Q T S L V L 560
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1681 GAAACATCCATTGCCGAACAGTTACAGGAGCTGCCGTTTACGCCTTTGCATGCCCTATT 1740
 561 E T S I A E Q L Q E L P F T P L H A P I 580
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1741 GTTGTGGGAACCCAGACCAGGAGCTCTGCAGGGCAGCCCTCGAGAGCTCCATGGTGCTC 1800
 581 V V G T Q T R S S A G Q P S R A S M V L 600
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1801 CTGCAGTCTCCGGCTTTCCGAGATTCTGGATGCCAATAAACAGCCAGCCGAGGCTGT 1860
 601 L Q S S G F P E I L D A N K Q P A E A V 620
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1861 AGCGCTACAGAACCTGTGACGTTTAACCTCAGAAGGAAGAATCAGATTGTCTACAAAGC 1920
 621 S A T E P V T F N P Q K E E S D C L Q S 640

Exon 9

Exon 10

Exon 11

Exon 12

Exon 13

Exon 14

Exon 15

-----|-----|-----|-----|-----F60|C1972T-|
1921 AACGAGATGGTGCTACAGTTTCTTGCCTTTAGCAGAGTGGCCCAGGACTGC?GA
641 N E M V L Q F L A F S R V A Q D C X

Exon 16

Figure 11

```
GACGCGAGGCGGGTTCCTGGACTGAGTGTGCGGCGGGTGCGCCGCTTCCGAGGCTCC
TCCGCGGGTGGCAGCGGACGGGCGCGCCCTCGGCCAGTCCTCGGTCCTCAGGCTTG
TGGCTCCGTTGAGCACCGGCCCGGGCCTCTGGGTCCGTCGAGTGGAGACTCTCTGAA
AAGCGTGGGCTCCGTGGCCTCCGCGCGGGCCGCGGGTCTCCTAGATCATCCG
GGAAGCCACGGGACCTCAGGCGGGCAGG
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1 ATGAACGACTGGCACAGGATCTTCACCCAAAACGTGCTTGTCCCTCCCCACCCACAGAGA 60
1 M N D W H R I F T Q N V L V P P H P Q R 20
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
61 GCGCGCCAGCCTTGAAGGAATCCACGGCATTCAGTGTGTCTCAAGTGGCTGGACGGA 120
21 A R Q P W K E S T A F Q C V L K W L D G 40
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
121 CCGGTAATTAGGCAGGGCGTGTGGAGGTACTGTCAGAGGTTGAATGCCATCTGCGAGTG 180
41 P V I R Q G V L E V L S E V E C H L R V 60
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
181 TCTTTCTTTGATGTCACCTACCGGCACTTCTTTGGGAGGACGTGGAACACAGTGAAG 240
61 S F F D V T Y R H F F G R T W K T T V K 80
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
241 CCGACGAAGAGACCGCCGTCAGGATCGTCTTTAATGAGCCCTTGATTTTCACACATCC 300
81 P T K R P P S R I V F N E P L Y F H T S 100
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
301 CTAAACCACCCTCATATCGTGGCTGTGGTGAAGTGGTCGCTGAGGGCAAGAACGGGAT 360
101 L N H P H I V A V V E V V A E G K K R D 120
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
361 GGGAGCCTCCAGACATTGTCCTGTGGGTTTGAATTCTTCGGATCTTCAGCAACCGCCG 420
121 G S L Q T L S C G F G I L R I F S N Q P 140
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
421 GACTCTCCTATCTCTGCTTCCCAGGACAAAAGTTGCGGCTGTACCATGGCACCCCCAGA 480
141 D S P I S A S Q D K R L R L Y H G T P R 160
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
481 GCCCTCCTGCACCCGCTTCTCCAGGACCCCGCAGAGCAAAACAGACACATGACCCTCATT 540
161 A L L H P L L Q D P A E Q N R H M T L I 180
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
541 GAGAACTGCAGCCTGCAGTACACGCTGAAGCCACACCCGGCCCTGGAGCCTGCGTTCCAC 600
181 E N C S L Q Y T L K P H P A L E P A F H 200
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
601 CTTCTTCCTGAGAACCTTCTGGTGTCTGGTCTGCAGCAGATACCTGGCCTGCTTCCAGCT 660
201 L L P E N L L V S G L Q Q I P G L L P A 220
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
661 CATGGAGAATCCGGCGACGCTCTCCGAAAGCCTCGCCTCCAGAAGCCCATCACGGGGCAC 720
221 H G E S G D A L R K P R L Q K P I T G H 240
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
721 TTGGATGACTTATTCTTACCCTGTACCCCTCCCTGGAGAAGTTTGAGGAAGAGCTGCTG 780
241 L D D L F F T L Y P S L E K F E E E L L 260
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
781 GAGCTCCACGTCCAGGACCACTTCCAGGAGGGATGTGGCCCACTGGACGCTGGTGCCCTG 840
261 E L H V Q D H F Q E G C G P L D G G A L 280
```

Exon 1

Exon 2

Exon 3

Exon 4

Exon 5

Exon 6

Exon 7

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
841 GAGATCCTGGAGCGGCGCCTGCGTGTGGGCGTGCACAATGGTCTGGGCTTCGTGCAGAGG 900
281 E I L E R R L R V G V H N G L G F V Q R 300 Exon 8

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
901 CCGCAGGTGCGTTGTAAGTGGTGCCTGAGATGGATGTGGCCTTGACGCGCTCAGCTAGCTTC 960
301 P Q V V V L V P E M D V A L T R S A S F 320

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
961 AGCAGGAAAGTGGTCTCCTCTTCCAAGACCAGCTCCGGGAGCCAAGCTCTGGTTTTGAGA 1020
321 S R K V V S S S K T S S G S Q A L V L R 340 Exon 9

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1021 AGCGCGCTCCGCTCCAGAGATGGTCGGCCACCCTGCATTTCGGGTCTCTCCAGCTG 1080
341 S R L R L P E M V G H P A F A V I F Q L 360

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1081 GAGTACGTGTTTACAGCAGCCTGCAGGAGTGGACGGCAATGCAGCTTCGGTCCACCTCTCTG 1140
361 E Y V F S S P A G V D G N A A S V T S L 380

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1141 TCCAACCTGGCATGCATGCACATGGTCCGCTGGGCTGTTTGGAAACCCCTTGCTGGAAGCT 1200
381 S N L A C M H M V R W A V W N P L L E A 400 Exon 10

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1201 GATTCTGGAAGGTGACCCTGCCTCTGCAGGGTGGGATCCAGCCCAACCCCTCGCACTGT 1260
401 D S G R V T L P L Q G G I Q P N P S H C 420

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1261 CTGGTCTACAAGGTACCCTCAGCCAGCATGAGCTCTGAAGAGGTGAAGCAGGTGGAGTCG 1320
421 L V Y K V P S A S M S S E E V K Q V E S 440 Exon 11

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1321 GGTACACTCCGGTTCAGTTCCTCGCTGGGCTCAGAAGAACACCTGGATGCACCCACGGAG 1380
441 G T L R F Q F S L G S E E H L D A P T E 460

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1381 CCTGTCACTGGCCCCAAGTGGAGCGGCGGCTTCCAGGAAACACCCACGTCCTCTCG 1440
461 P V S G P K V E R R P S R K P P T S P S 480

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1441 AGCCCGCCAGCGCCAGTACCTCGAGTTCCTCGCTGCCCCGAGAACTCACCTGTGGGACCA 1500
481 S P P A P V P R V L A A P Q N S P V G P 500 Exon 12

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1501 GGGTTGTCAATTTCCAGCTGGCGGCTCCCGCGGCTCCCGACTCAGCACTGCTTGGCC 1560
501 G L S I S Q L A A S P R S P T Q H C L A 520 Exon 13

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1561 AGGCTACTTACAGCTACCCCATGGCTCTCAGGCCTCCCGGCCAGGCACAGGAGTTC 1620
521 R P T S Q L P H G S Q A S P A Q A Q E F 540

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1621 CCGTTGGAGGCCGGTATCTCCACCTGGAAGCCGACCTGAGCCAGACCTCCCTGGTCTG 1680
541 P L E A G I S H L E A D L S Q T S L V L 560 Exon 14

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1681 GAAACATCCATTGCCGAACAGTTACAGGAGCTGCCGTTACGCCTTTGCATGCCCTATT 1740
561 E T S I A E Q L Q E L P F T P L H A P I 580

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1741 GTTGTGGGAACCCAGACCAGGAGCTCTGCAGGGCAGCCCTCGAGAGCCTCCATGGTGCTC 1800
581 V V G T Q T R S S A G Q P S R A S M V L 600 Exon 15

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1801 CTGAGTCTCCGCTTTCCCGAGATTCTGGATGCCAATAACAGCCAGCCGAGGCTGTC 1860
601 L Q S S G F P E I L D A N K Q P A E A V 620

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1861 AGCGCTACAGAACCTGTGACGTTTAACCTCAGAAGGAAGAATCAGATTGTCTACAAAGC 1920
621 S A T E P V T F N P Q K E E S D C L Q S 640

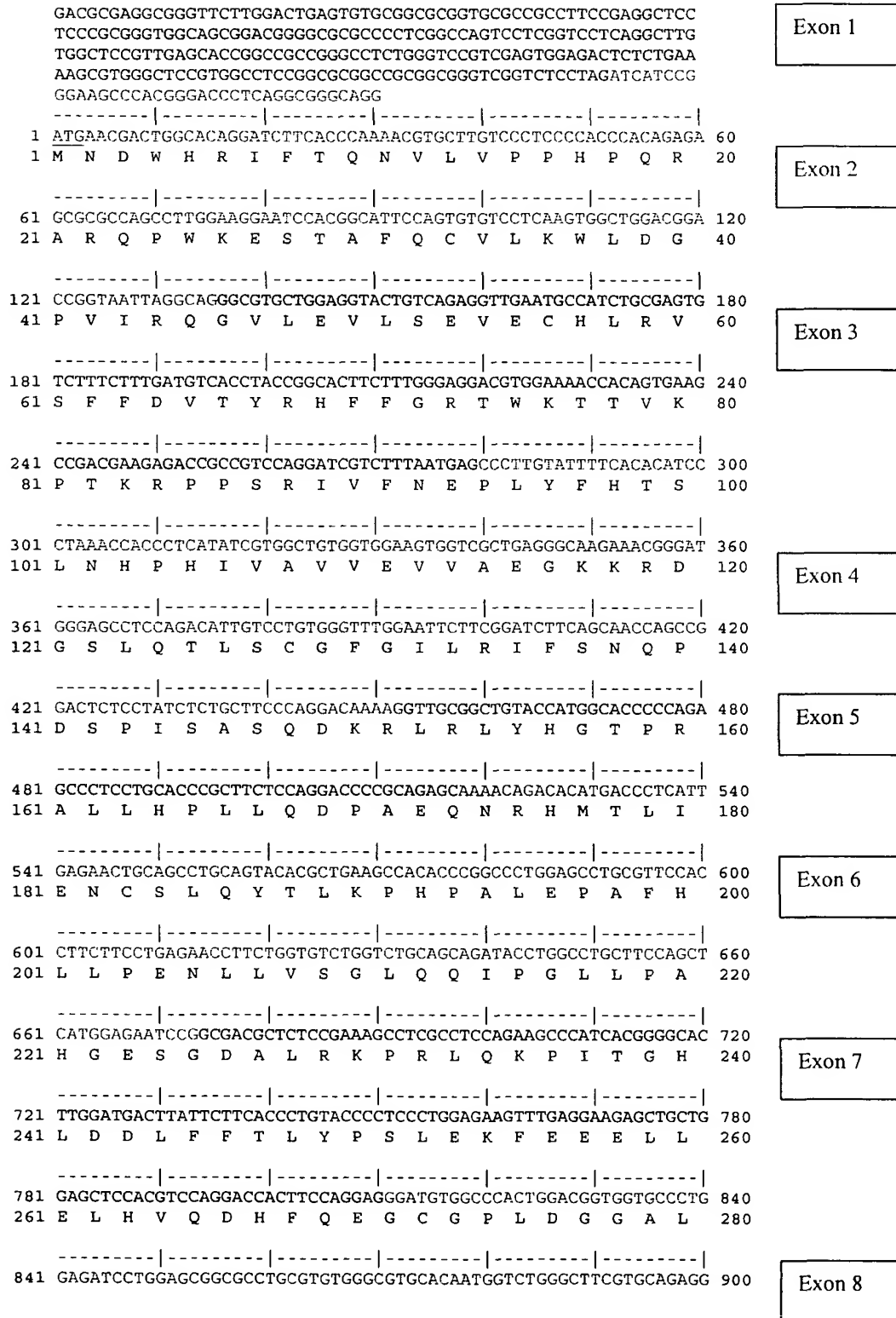
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1921 AACGAGATGGTGCTACAGTTTCTTGCCTTTAGCAGAGTGGCCCAGGACTGCCGAGGAACA 1980
641 N E M V L Q F L A F S R V A Q D C R G T 660

Exon 16

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1981 TCATGGCCAAAGACTGTGTATTTCACTTCCAGTTCTACCGCTTCCCACCCGCAACGACG 2040
661 S W P K T V Y F T F Q F Y R F P P A T T 680

F461;C2044T
2041 CCATGA
681 P ^

Figure 12




```

281 E I L E R R L R V G V H N G L G F V Q R 300
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
901 CCGCAGGTGCTTGTACTGGTGCCTGAGATGGATGTGGCCTTGACGCGCTCAGCTAGCTTC 960
301 P Q V V V L V P E M D V A L T R S A S F 320
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
961 AGCAGGAAAGTGGTCTCCTCTTCCAAGACCAGCTCCGGGAGCCAAGCTCTGGTTTTGAGA 1020
321 S R K V V S S S K T S S G S Q A L V L R 340
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1021 AGCCGCCTCCGCCTCCCAGAGATGGTCGGCCACCCTGCATTTCGGGTCATCTTCCAGCTG 1080
341 S R L R L P E M V G H P A F A V I F Q L 360
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1081 GAGTACGTGTTTCAGCAGCCCTGCAGGAGTGGACGGCAATGCAGCTTCGGTTCACCTCTCTG 1140
361 E Y V F S S P A G V D G N A A S V T S L 380
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1141 TCCAACCTGGCATGCATGCACATGGTCCGCTGGGCTGTTTGGAAACCCCTTGCTGGAAGCT 1200
381 S N L A C M H M V R W A V W N P L L E A 400
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1201 GATTCTGGAAGGTGACCCTGCCTCTGCAGGGTGGGATCCAGCCCAACCCCTCGCACTGT 1260
401 D S G R V T L P L Q G G I Q P N P S H C 420
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1261 CTGGTCTACAAGGTACCCTCAGCCAGCATGAGCTCTGAAGAGGTGAAGCAGGTGGAGTCG 1320
421 L V Y K V P S A S M S S E E V K Q V E S 440
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1321 GGTACACTCCGGTTCAGTTCTCGCTGGGCTCAGAAGAACACCTGGATGCACCCACGGAG 1380
441 G T L R F Q F S L G S E E H L D A P T E 460
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1381 CCTGTCACTGGCCCCAAAGTGGAGCGGCGGCCTTCCAGGAAACACCCACGTCCCCTTCG 1440
461 P V S G P K V E R R P S R K P P T S P S 480
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1441 AGCCCGCCAGCGCCAGTACCTCGAGTTCTCGCTGCCCCGCAGAACTCACCTGTGGGACCA 1500
481 S P P A P V P R V L A A P Q N S P V G P 500
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1501 GGGTTGTCAATTTCCCAGCTGGCGGCCTCCCCGCGGTCCCCGACTCAGCACTGCTTGGCC 1560
501 G L S I S Q L A A S P R S P T Q H C L A 520
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1561 AGGCCTACTTCACAGCTACCCCATGGCTCTCAGGCCTCCCCGGCCAGGCACAGGAGTTC 1620
521 R P T S Q L P H G S Q A S P A Q A Q E F 540
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1621 CCGTTGGAGGCCGGTATCTCCACCTGGAAGCCGACCTGAGCCAGACCTCCCTGGTCCTG 1680
541 P L E A G I S H L E A D L S Q T S L V L 560
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1681 GAAACATCCATTGCCGAACAGTTACAGGAGCTGCCGTTACGCCTTTGCATGCCCCTATT 1740
561 E T S I A E Q L Q E L P F T P L H A P I 580
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1741 GTTGTGGGAACCCAGACCAGGAGCTCTGCAGGGCAGCCCTCGAGAGCCTCCATGGTGCTC 1800
581 V V G T Q T R S S A G Q P S R A S M V L 600
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1801 CTGCAGTCCTCCGGCTTTCCCGAGATTCTGGATGCCAATAACAGCCAGCCGAGGCTGTC 1860
601 L Q S S G F P E I L D A N K Q P A E A V 620
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1861 AGCGCTACAGAACCTGTGACGTTTAACCTCAGAAGGAAGAATCAGATTGTCTACAAAGC 1920
621 S A T E P V T F N P Q K E E S D C L Q S 640
-----|-----|-----|-----|-----|-----|

```

Exon 9

Exon 10

Exon 11

Exon 12

Exon 13

Exon 14

Exon 15

1921 AACGAGATGGTGCTACAGTTTCTTGCCTTTAGCAGAGTGGCCCAGGACTGCCGAGGAACA 1980
641 N E M V L Q F L A F S R V A Q D C R G T 660

Exon 16

1981 TCATGGCCAAAGACTGTGTATTTACACCTTCCAGTTCTACCGCTTCCCACCCGCAACGACG 2040
661 S W P K T V Y F T F Q F Y R F P P A T T 680

2041 CCACGACTGCAGCTGGTCCAGCTGGATGAGGCCGCCAGCCAGCTCTGGCGCCCTGACC 2100
681 P R L Q L V Q L D E A G Q P S S G A L T 700

2101 CACATCCTCGTGCTGTGAGCAGAGATGGCACCTTTGATGTGGGTCTCCTGGCTTCCAG 2160
701 H I L V P V S R D G T F D A G S P G F Q 720

2161 CTGAGGTACATGGTGGGCCCTGGGTTCTGAAGCCAGGTGAGCGGCCTGCTTTGCCCGC 2220
721 L R Y M V G P G F L K P G E R R C F A R 740

Exon 17

2221 TACCTGGCCGTGCAGACCTGCAGATTGACGTCTGGGACGGAGACTCCCTGCTGCTCATC 2280
741 Y L A V Q T L Q I D V W D G D S L L L I 760

2281 GGTCTGTGCGCTCCAGATGAAGCATCTCCTCCGCCAAGGCCGCCGCGCTGTGCAGGCC 2340
761 G S A A V Q M K H L L R Q G R P A V Q A 780

Exon 18

2341 TCCACGAGCTTGAGGTCTGGCAACTGAATACGAGCAGGACAACATGGTGGTGAGTGGA 2400
781 S H E L E V V A T E Y E Q D N M V V S G 800

2401 GACATGCTGGGGTTTGGCCGCGTCAAGCCCATCGGCGTCCACTCGGTGGTGAAGGGCCGG 2460
801 D M L G F G R V K P I G V H S V V K G R 820

2461 CTGCACCTGACTTTGGGCCAACGTGGGTACCCCTGTGAACAGAAAGTGAGAGTTGTAGC 2520
821 L H L T L A N V G H P C E Q K V R G C S 840

Exon 19

2521 ACATTGCCACCGTCCAGATCTTGGGTCTCTCAAACGATGGAGCCAGCCGCTTCTCTGGA 2580
841 T L P P S R S W V I S N D G A S R F S G 860

2581 GGCAGCCTCTCAGACTGGAAGCTCAAGGCGAAAACCGTGGTGCAAGCACAGAAGCTG 2640
861 G S L L T T G S S R R K H V V Q A Q K L 880

Exon 20

2641 GCGGACGTGGACAGTGAGCTGGCTGCCATGCTACTGACCCATGCCCGCAGGGCAAGGGG 2700
881 A D V D S E L A A M L L T H A R Q G K G 900

2701 CCCCAGGACGTACGCCGCGAGTCGGATGCCACCCGACGGCGTAAGCTGGAGCGGATGAGG 2760
901 P Q D V S R E S D A T R R R K L E R M R 920

2761 TCTGTGCGCCTGCAGGAGGCCGGGGAGACTTGGGCCGCGCGGGACGAGCGTGTGGCG 2820
921 S V R L Q E A G G D L G R R G T S V L A 940

Exon 21

2821 CAGCAGAGCGTCCGCACACAGCACTTGCGGGACCTACAGGTCTCGCCGCTACCGGGAA 2880
941 Q Q S V R T Q H L R D L Q V I A A Y R E 960

2881 CGCACGAAGCCGAGAGCATCGCCAGCCTGCTGAGCCTGGCCATCACCACGGAGCACACG 2940
961 R T K A E S I A S L L S L A I T T E H T 980

2941 CTCCACGCCACGCTGGGGTTCGCCGAGTTCTTTGAGTTTGTGCTTAAGAACCCCCACAAC 3000
981 L H A T L G V A E F F E F V L K N P H N 1000

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3001 ACACAGCACACGGTGACTGTGGAGATCGACAACCCCGAGCTCAGCGTCATCGTGGACAGT 3060
1001 T Q H T V T V E I D N P E L S V I V D S 1020

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3061 CAGGAGTGGAGGAGTTCAGGGTGCTGCTGGCCTGCACACACCGGTGGAGGAGGACATG 3120
1021 Q E W R D F K G A A G L H T P V E E D M 1040

Exon 22

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3121 TTCCACCTGCGTGGCAGCCTGGCCCCCAGCTCTACCTGCGCCCCACGAGACCGCCAC 3180
1041 F H L R G S L A P Q L Y L R P H E T A H 1060

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3181 GTCCCTTCAAGTTCAGAGCTTCTCTGAGGGCAGCTGGCCATGGTGCAGGCCTCTCCT 3240
1061 V P F K F Q S F S A G Q L A M V Q A S P 1080

Exon 23

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3241 GGGTTGAGCAACGAGAAGGGCATGGACGCCGTGTACCTTGAAGTCCAGCGCAGTGCCC 3300
1081 G L S N E K G M D A V S P W K S S A V P 1100

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3301 ACTAAACACGCCAAGGTCTTGTTCGAGCGAGTGGTGGCAAGCCCATCGCCGTGCTCTGC 3360
1101 T K H A K V L F R A S G G K P I A V L C 1120

Exon 24

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3361 CTGACTGTGGAGCTGCAGCCCCACGTGGTGGACCAGGTCTTCGCTTCTATCACCCGGAG 3420
1121 L T V E L Q P H V V D Q V F R F Y H P E 1140

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3421 CTCTCCTTCCTGAAGAAGGCCATCCGCCTGCCGCCCTGGCACACATTTCCAGGTGCTCCG 3480
1141 L S F L K K A I R L P P W H T F P G A P 1160

Exon 25

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3481 GTGGGAATGCTTGGTGAGGACCCCCAGTCCATGTTGCTGCAGCGACCCGAACGTCATC 3540
1161 V G M L G E D P P V H V R C S D P N V I 1180

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3541 TGTGAGACCCAGAATGTGGGCCCGGGGAACACGGGACATATTTCTGAAGGTGGCCAGT 3600
1181 C E T Q N V G P G E P R D I F L K V A S 1200

Exon 26

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3601 GGTCCAAGCCCGGAGATCAAAGACTTCTTTGTTCATCAATTTACTCGGATCGCTGGCTGGCG 3660
1201 G P S P E I K D F F V I I Y S D R W L A 1220

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3661 ACACCCACACAGACGTGGCAGGTCTACCTCCACTCCCTGCAGCGCGTGGATGTCTCCTGC 3720
1221 T P T Q T W Q V Y L H S L Q R V D V S C 1240

Exon 27

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3721 GTCGAGGCCAGCTGACCCGCCTGTCCCTTGTCTCGGGGGACACAGACAGTGAGGAAA 3780
1241 V A G Q L T R L S L V L R G T Q T V R K 1260

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3781 GTGAGAGCTTTCACCTCTCATCCCCAGGAGCTGAAGACAGACCCCAAAGGTGTCTTCGTG 3840
1261 V R A F T S H P Q E L K T D P K G V F V 1280

Exon 28

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3841 CTGCCGCTCGTGGGGTGCAGGACCTGCATGTTGGCGTGAGGCCCTTAGGGCCGGCAGC 3900
1281 L P P R G V Q D L H V G V R P L R A G S 1300

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3901 CGCTTTGTCCATCTCAACCTGGTGGACGTGGATTGCCACCAGCTGGTGGCCTCCTGGCTC 3960
1301 R F V H L N L V D V D C H Q L V A S W L 1320

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3961 GTGTGCCTCTGCTGCCGCCAGCCGCTCATCTCCAAGGCCTTTGAGATCATGTTGGCTGCG 4020
1321 V C L C C R Q P L I S K A F E I M L A A 1340

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4021 GGCGAAGGGAAGGGTGTCAACAAGAGGATCACCTACACCAACCCCTACCCCTCCCGGAGG 4080
1341 G E G K G V N K R I T Y T N P Y P S R R 1360

Exon 29

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4081 ACATTCCACCTGCACAGCGACCACCCGGAGCTGCTGCGGTTTCAGAGAGGACTCCTTCCAG 4140
1361 T F H L H S D H P E L L R F R E D S F Q 1380

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4141 GTCGGGGGTGGAGAGACCTACACCATCGGCTTGCAGTTTGCGCCTAGTCAGAGAGTGGGT 4200
1381 V G G G E T Y T I G L Q F A P S Q R V G 1400

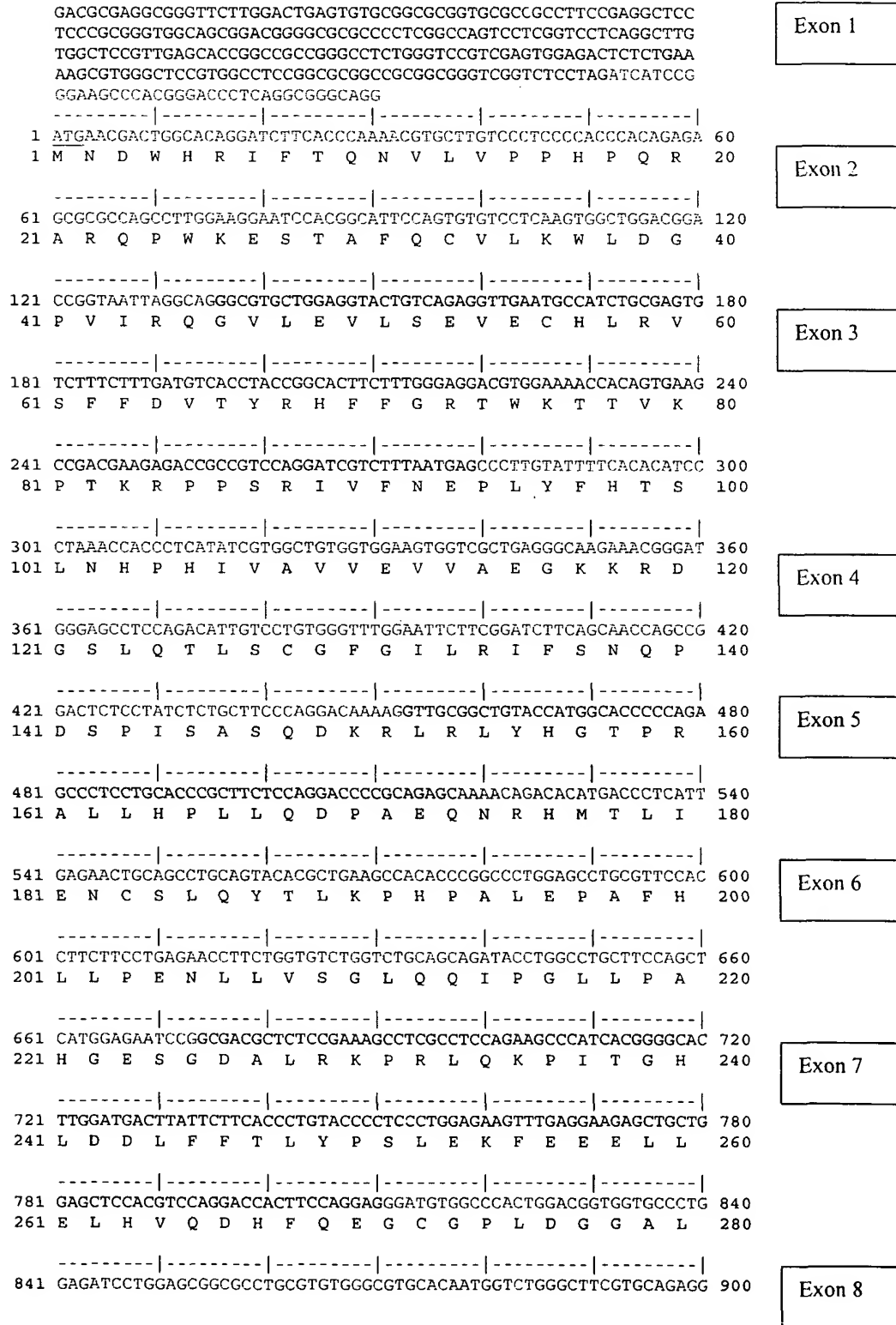
Exon 30

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4201 GAGGAGGAGATCCTGATCTACATCAATGACCATGAGGACAAAAACGAAGAGGCATTTTGC 4260
1401 E E E I L I Y I N D H E D K N E E A F C 1420

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4261 GTGAAGGTCATCTACCAGTGA 4281
1421 V K V I Y Q * 1426

GGGCTTGAGGGTGACGTCCTTCCTGCGGCACCCAGCTGGGGCCTGTCTGTGCCCCCTCCTG
CCCTGCAGGCTGTCTCCCGCCTCTCTGCAGCCTTTCACCTTCAGTGCCACCTGGCTGA
CCTGTGCACCTGGCTGAGGAAGCAGAGACCGAGCGCTGGTCATTTTGTAGTACCTGCATC
CAGCTTAGCTGCTGCTGACACCCAGCAGGCCTGGGTCCGTGAGCGCGAACTCCGTGGTG
GTGGGTCTGGCTCTGGTGCTGCCATCTACGCATGTGGGACCCCTCGTTATCGCTGTTGCTC
AAAATGTATTTTATGAATCATCCTAAATGAGAAAATTATGTTTTCTTACTGGATTTTGT
ACAAACATAATCTATTATTGCTATGCAATATTTTATGCTGGTATTATATCTGTTTTTTA
AATTGTTGACAAAATACTAACTTTT

Figure 13



```

281 E I L E R R L R V G V H N G L G F V Q R 300
-----|-----|-----|-----|-----|
901 CCGCAGGTCGTTGTACTGGTGCCTGAGATGGATGTGGCCTTGACGCGCTCAGCTAGCTTC 960
301 P Q V V V L V P E M D V A L T R S A S F 320
-----|-----|-----|-----|-----|
961 AGCAGGAAAGTGGTCTCCTCTTCCAAGACCAGCTCCGGGAGCCAAGCTCTGGTTTTGAGA 1020
321 S R K V V S S S K T S S G S Q A L V L R 340
-----|-----|-----|-----|-----|
1021 AGCCGCCTCCGCCTCCCAGAGATGGTCGGCCACCCTGCATTGCGGTCACTTCCAGCTG 1080
341 S R L R L P E M V G H P A F A V I F Q L 360
-----|-----|-----|-----|-----|
1081 GAGTACGTGTTTCAGCAGCCCTGCAGGAGTGGACGGCAATGCAGCTTCGGTCACCTCTCTG 1140
361 E Y V F S S P A G V D G N A A S V T S L 380
-----|-----|-----|-----|-----|
1141 TCCAACCTGGCATGCATGCACATGGTCCGCTGGGCTGTTTGAACCCCTTGCTGGAAGCT 1200
381 S N L A C M H M V R W A V W N P L L E A 400
-----|-----|-----|-----|-----|
1201 GATTCTGGAAGGGTGACCTGCCTCTGCAGGGTGGGATCCAGCCCAACCCCTCGCACTGT 1260
401 D S G R V T L P L Q G G I Q P N P S H C 420
-----|-----|-----|-----|-----|
1261 CTGGTCTACAAGGTACCCTCAGCCAGCATGAGCTCTGAAGAGGTGAAGCAGGTGGAGTCG 1320
421 L V Y K V P S A S M S S E E V K Q V E S 440
-----|-----|-----|-----|-----|
1321 GGTACACTCCGGTTCAGTTCTCGCTGGGCTCAGAAGAACACCTGGATGCACCCACGGAG 1380
441 G T L R F Q F S L G S E E H L D A P T E 460
-----|-----|-----|-----|-----|
1381 CCTGTCAGTGGCCCCAAAGTGGAGCGGCGGCTTCCAGGAAACACCCACGTCCCCTTCG 1440
461 P V S G P K V E R R P S R K P P T S P S 480
-----|-----|-----|-----|-----|
1441 AGCCCGCCAGCGCCAGTACCTCGAGTTCTCGCTGCCCCGAGAACTCACCTGTGGGACCA 1500
481 S P P A P V P R V L A A P Q N S P V G P 500
-----|-----|-----|-----|-----|
1501 GGGTGTCAATTTCCAGCTGGCGGCCTCCCCGCGGTCCCCGACTCAGCACTGCTTGGCC 1560
501 G L S I S Q L A A S P R S P T Q H C L A 520
-----|-----|-----|-----|-----|
1561 AGGCCTACTTCACAGCTACCCCATGGCTCTCAGGCCTCCCCGGCCACAGGAGTTC 1620
521 R P T S Q L P H G S Q A S P A Q A Q E F 540
-----|-----|-----|-----|-----|
1621 CCGTTGGAGCGCGTATCTCCACCTGGAAGCCGACCTGAGCCAGACCTCCCTGGTCCTG 1680
541 P L E A G I S H L E A D L S Q T S L V L 560
-----|-----|-----|-----|-----|
1681 GAAACATCCATTGCCGAACAGTTACAGGAGCTGCCGTTACGCCTTTGCATGCCCCTATT 1740
561 E T S I A E Q L Q E L P F T P L H A P I 580
-----|-----|-----|-----|-----|
1741 GTTGTGGGAACCCAGACCAGGAGCTCTGCAGGGCAGCCCTCGAGAGCTCCATGGTGCTC 1800
581 V V G T Q T R S S A G Q P S R A S M V L 600
-----|-----|-----|-----|-----|
1801 CTGCAGTCTCCGGCTTTCCCGAGATTCTGGATGCCAATAAACAGCCAGCCGAGGCTGTC 1860
601 L Q S S G F P E I L D A N K Q P A E A V 620
-----|-----|-----|-----|-----|
1861 AGCGCTACAGAACCTGTGACGTTTAACCTCAGAAGGAAGAATCAGATTGTCTACAAAGC 1920
621 S A T E P V T F N P Q K E E S D C L Q S 640
-----|-----|-----|-----|-----|

```

Exon 9

Exon 10

Exon 11

Exon 12

Exon 13

Exon 14

Exon 15

1921 AACGAGATGGTGCTACAGTTTCTTGCCTTTAGCAGAGTGCGCCAGGACTGCCGAGGAACA 1980
641 N E M V L Q F L A F S R V A Q D C R G T 660

Exon 16

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1981 TCATGGCCAAAGACTGTGTATTTACCTTCCAGTTCTACCGCTTCCACCCGCAACGACG 2040
661 S W P K T V Y F T F Q F Y R F P P A T T 680

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2041 CCACGACTGCAGCTGGTCCAGCTGGATGAGGCCGCCAGCCAGCTCTGGCGCCCTGACC 2100
681 P R L Q L V Q L D E A G Q P S S G A L T 700

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2101 CACATCCTCGTGCCTGTGAGCAGAGATGGCACCTTTGATGCTGGGTCTCCTGGCTTCCAG 2160
701 H I L V P V S R D G T F D A G S P G F Q 720

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2161 CTGAGGTACATGGTGGGCCCTGGGTTCCCTGAAGCCAGGTGAGCGGCGCTGCTTTGCCCGC 2220
721 L R Y M V G P G F L K P G E R R C F A R 740

Exon 17

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2221 TACCTGGCCGTGCAGACCCTGCAGATTGACGTCTGGGACGGAGACTCCCTGCTGCTCATC 2280
741 Y L A V Q T L Q I D V W D G D S L L L I 760

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2281 GGATCTGCTGCCGTCCAGATGAAGCATCTCCTCCGCCAAGGCCGGCCGGCTGTGCAGGCC 2340
761 G S A A V Q M K H L L R Q G R P A V Q A 780

-----|-----|---F622|G2368T-----|-----|-----|
2341 TCCCACGAGCTTGAGGTCGTGGCAACTTAA
781 S H E L E V V A T X

Exon 18

Figure 14

Nucleotide sequence:

```

1  gggtgctccc gggtgctaag aagactatga acaagtcaga gaacctgctg tttgctgggt
61  catcattagc atcacaagtc catgctgctg ccgttaatgg agataagggg gctctacaga
121 ggctcatcgt aggaaactct gctcttaaag acaaagaaga tcagtttggg agaacaccac
181 ttatgtattg cgtgttggct gacagattgg attgtgcaga tgctcttctg aaggcaggag
241 cagatgtgaa taaaactgac catagccaga gaacagccct ccatcttgca gcccagaagg
301 gaaattatcg tttcatgaaa ctcttactta cacgcagagc aaactggatg caaaaggatc
361 tggaagagat gactcctttg cacttgacca cccggcacag gagccctaag tgtttggcac
421 ttctgctgaa gtttatggca ccaggagaag tggatacaca ggataaaaac aagcaaacag
481 ctctgcattg gagtgcctac tacaataacc ctgagcatgt gaagctgctc atcaagcatg
541 attctaacat tgggattcct gatgttgaag gcaagatccc acttcactgg gcagccaacc
601 ataaagatcc aagtgtgtgt cacacagtga gatgcattct ggatgctgct ccaacagagt
661 ctttactgaa ctggcaagac tacgaggggtc gaactcctct tcactttgca gttgtgtatg
721 ggaatgtgac cgtggttgat gtcttgacct catatgaaag ctgcaatata acgtcttatg
781 ataacttatt tcgaacccca ctgcactggg cagctttatt aggccatgca cagattgtcc
841 atctcctttt agaaaagaaat aagtctggaa ctatcccatc tgacagccaa ggagccacac
901 ctttgacta tgctgctcag agtaactttg ctgaaacggg taaagtgttt taaaacatc
961 cttcagtga agatgattca gacctggaag gaagaacatc ctttatgtgg gcagctggca
1021 aaggcagtga tgatgtcctt agaactatgc tgagcttaaa atcggacata gatattaaca
1081 tggctgacaa atatggagggt acagctttgc atgctgctgc tctttctggc catgtcagca
1141 ccgtgaagtt attactggaa aataatgctc aagtagatgc tactgatgtt atgaaacata
1201 ctccactttt ccgagcctgt gagatgggac acaaagatgt gattcagaca ctcattaaag
1261 gtggagcaag ggtagatcta gttgaccaag atggacattc tcttctacat tgggcagcac
1321 tgggaggaaa tgctgatgtt tgccagatat taatagaaaa taagatcaat ccaaagtcc
1381 aggattatgc aggaagaacc cctttgcagt gtgcagcata tggaggctat atcaactgca
1441 tggcagttct catggaaaac aatgcagacc ctaacattca agacaaagag ggaagaacag
1501 ctttgcatgt gtcttgcac aatggatacc ttgatgccat taaattactg ctgacttttg
1561 ctgctttccc taatcagatg gaaaacaatg aagagagata cacaccctt gattatgctt
1621 tgcttggta gcgccatgaa gtgatccagt tcatgttggg gcacgggtgc ctgtccatcg
1681 cagccataca agacatcgcc gccttcaaaa tccaagctgt ctacaaaggg tacaagggtca
1741 gaaaagcctt ccgagacagg aaaaatctcc tcatgaagca tgaacagttg agaaaagatg
1801 ctgctgccaa aaagcgagag gaagaaaaca aacgaaaaga ggcagaacag caaaaaggaa
1861 ggcggagccc agattcctgc agaccccagg cccttccctg tctgcctagc acccaggatg
1921 tgcccagcag gcagagccgg gccccagca agcagcctcc tgctggcaac gtggcccaag
1981 gccctgagcc aagagacagc agaggatctc caggaggggtc tctaggcgga gccctccaga
2041 aggagcagca tgtttcctca gatttgcagg gaacaaactc cagaaggcca aatgaaacag
2101 ccagagaaca ttctaaaggc caatctgctt gtgtccactt cagaccaaat gaaggcagtg
2161 atggaagcag gcatccagga gttccctctg ttgagaagtc cagaggtgag acagctggcg
2221 atgagcggtg tgcaaagggg aaaggtttcg tgaagcagcc ctctgtatc aggggtggctg
2281 ggctgatga gaaaggagag gactccaggc gggcaggtgc aagccttcca ccgcacgata
2341 gccactggaa gcccagcagg cggcatgaca cagaacccaa ggccaaatgt gccccccaga
2401 aaaggcgcac tcaagagctc agaggaggaa ggtgctctcc ggctggttct agccgccctg
2461 gcagtgcccg gggggaggcg gtccatgctg ggcagaatcc tccccaccat cgtacaccaa
2521 gaaacaaagt gacacaagcc aagctcacag gagggtctca ttacatttg ccacagagca
2581 cagaggagtt gaggtcagga gctaggaggc tggagacatc tacctgtcc gaggactttc
2641 aggtatctaa ggagactgat ccagcacctg gtccccctctc tgggcagagt gtgaatattg
2701 accttctccc cgtagagctc cgactgcaga taattcagag agaacgaagg aggaaggagc
2761 tgtttcgcaa aaagaacaag gcagcagcag tcatccagcg cgctggcgga agctaccagc
2821 tcaggaagca cctgtcccac cttcggcata tgaagcagct tggagctgga gatgtggaca
2881 gatggaggca agagtctaca gcattgctcc tccaggtttg gaggaaggaa ctggaactaa
2941 aattcccca aaccactgca gtaagcaagg cccccaagag tccatccaag ggcacctcag
3001 gcacaaagtc caccaagcac tcagtgtcta agcaaatac tgggtgttct cacgaaggga

```



```

3061 aaatacatca tcctacaaga tctgtaaaag cctcttctgt gctgcgtctc aactcagtga
3121 gcaacctaca gtgtatacat ctcccttgaga acagtgggaag atcaaagaac ttttcttata
3181 acctgcaatc agctactcag ccaaaaaaca aaacaaaacc ttgactgcct atggaggaag
3241 actgtgttcg ggggagctgg catagctagt gcagagttca gattttctgc tgataatctt
3301 ttacaccttg ggaaaaacttt aatatccgta cctgaaggct gattcaccta aaaatgtggt
3361 aactgaaaga aaatgtcaga atgtttcctt tctgctctta cacagcattg ttttgtcaat
3421 caacacagcc tgcactgaaa ggacctgcat agactatgtc tgtgcaaagt gcctgagtgt
3481 ctgctttcac ctcagtctgt acagttggaa atgagaattc ataattaaca gcaaaatcta
3541 aggaaaacta aaataaaa

```

Amino acid sequence:

```

MNKSENLLFAGSSLASQVHAAVNGDKGALQRLIVGNSALKDKE
DQFGRTPLMYCVLADRLDCADALLKAGADVNKTDHSQRTALHLAAQKGNRYFMKLLLT
RRANWMQKDLEEMTPLHLTTRHRSPKCLALLLKFMAPGEVDTQDKNKQTALHWSAYYN
NPEHVKLLIKHDSNIGIPDVEGKIPLHWAANH KDPSAVHTVRCILDAAPTESLLNWQD
YEGRTPLHFAVADGNVTVDVLTSYESCNITSYDNLFRTPPLHWAALLGHAQIVHLLLE
RNKSGTIPSDSQGATPLHYAAQSNFAETVKVFLKHPSVKDDSDLEGRTSFMWAAGKGS
DDVLRTMLSLKSDIDINMADKYGGTALHAAALS GHVSTVKLLLENNAQVDATDVMKHT
PLFRACEMGHKDV IQTLIKGGARVDLVDQDGHSLHWAALGGNADVQCIL IENKINPN
VQDYAGRTP LQCAAYGGYINCM AVL MENNADPNIQDKEGRTALHWS CNNGYLDAIKLL
LDFAAFP NQ MENNEERYT PLDYALLGERHEVIQFMLEHGALSIAAIQDIAAFKIQAVY
KGYKVRKA FRDRKNLLMKHEQLRKDAAAKKRE EENKRKEAEQQKGRRSPDSCR PQALP
CLPSTQDVPSRQSRAPSKQPPAGNVAQGPEPRDSRGSPGGS LGGALQKEQH VSSDLQG
TNSRRPNETAREH SKGQSACVHFRPN EGSDGSRHPGVPSVEKSRGETAGDERCAKGKG
FVKQPSCIRVAGPDEKGEDSRRAGASLPPHDSHWKPSRRHDTEPKAKCAPQKRRTQEL
RGGRCSPAGSSRPGSARGEAVHAGQNPPHRTPRNKVTQAKLTGGLYSHLPQSTEELR
SGARRLETSTLSEDFQVSKETDPAPGPLSGQSVNIDLLPVELRLQIIQRERRRKELFR
KKNKAAAVIQRAWRSYQLRKHLSHLRHMKQLGAGDVDRWRQESTALLLQVWRKELELK
FPQTTAVSKAPKSPSKGTSGTKSTKHSVLKQIYGCSHEGKIHHPTRSVKASSVLRLNS
VSNLQCIHLLENSGRSKNFSYNLQSATQPKNKTKP

```

Figure 15

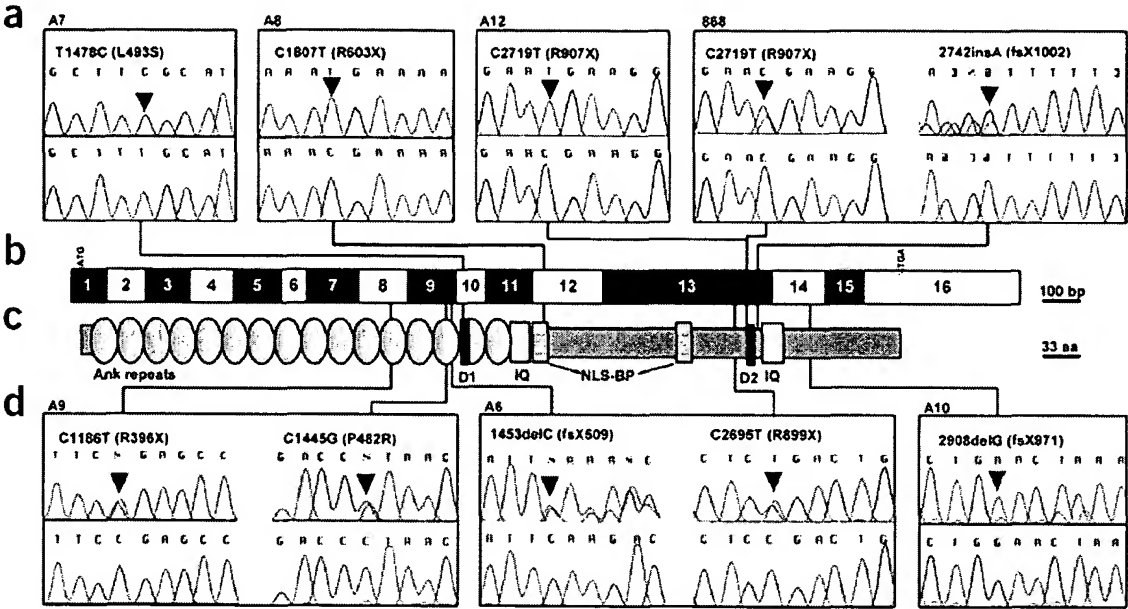


Figure 16

Nucleotide sequence:

C2695T

Amino Acid sequence:

R899X

Figure 17

Nucleotide sequence:

1453delC

Amino Acid sequence:

Q485fsX509

Figure 18

Nucleotide sequence:

C1807T

Amino Acid sequence:

R603X

Figure 19

Nucleotide sequence:

C1186T

Amino Acid sequence:

R396X

Figure 20

Nucleotide sequence:

C1445G

Amino Acid sequence:

P482R

Figure 21

Nucleotide sequence:

2908delG

Amino Acid sequence:

E970fsX971

Figure 22

Nucleotide sequence:

C2719T

Amino Acid sequence:

R907X

Figure 23

Nucleotide sequence:

C2719T

Amino Acid sequence:

R907X

Figure 24

Nucleotide sequence:

2747insA

Amino Acid sequence:

K916fsX1002

Figure 25

Nucleotide sequence:

T1478C

Amino Acid sequence:

L493S

Figure 26

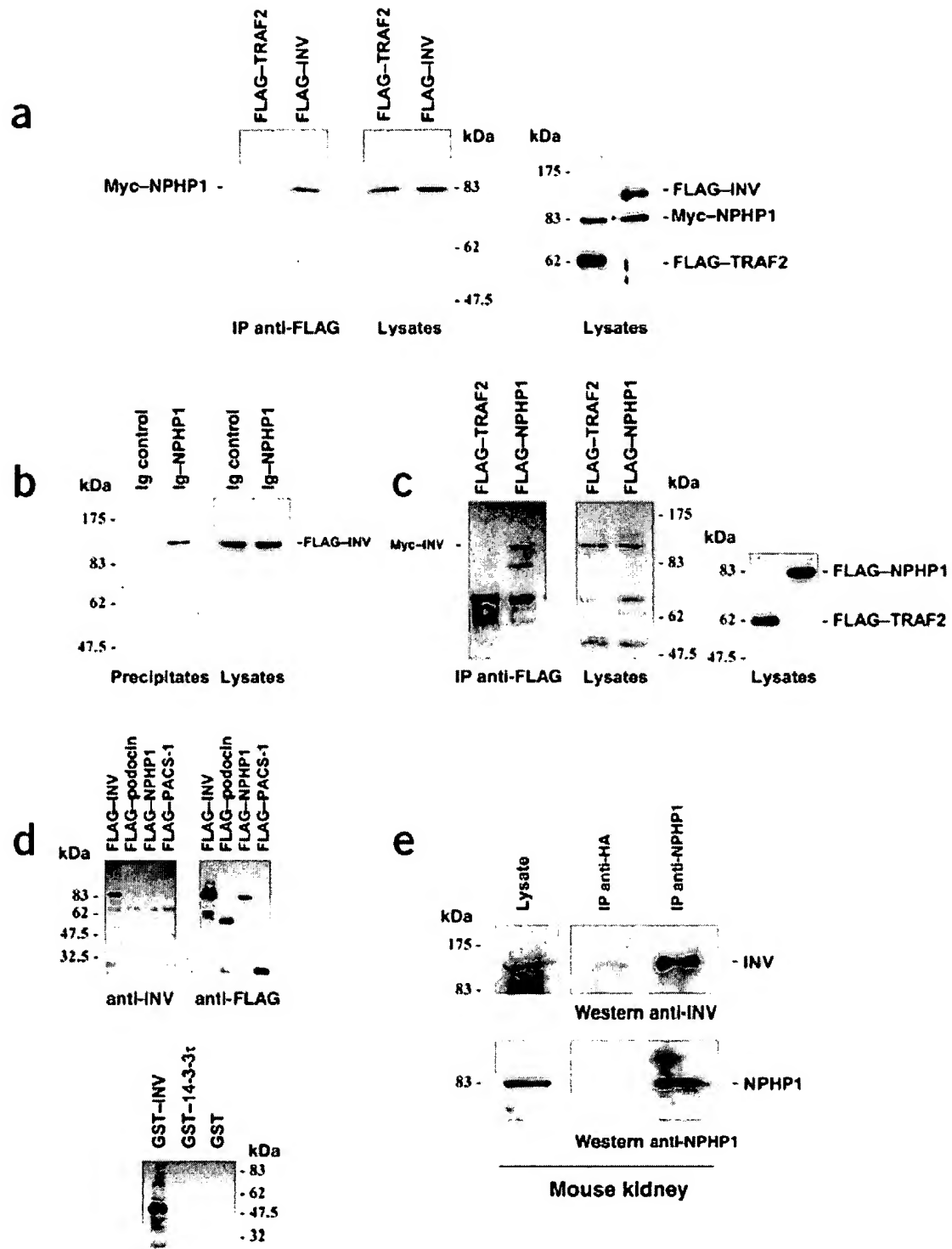


Figure 27

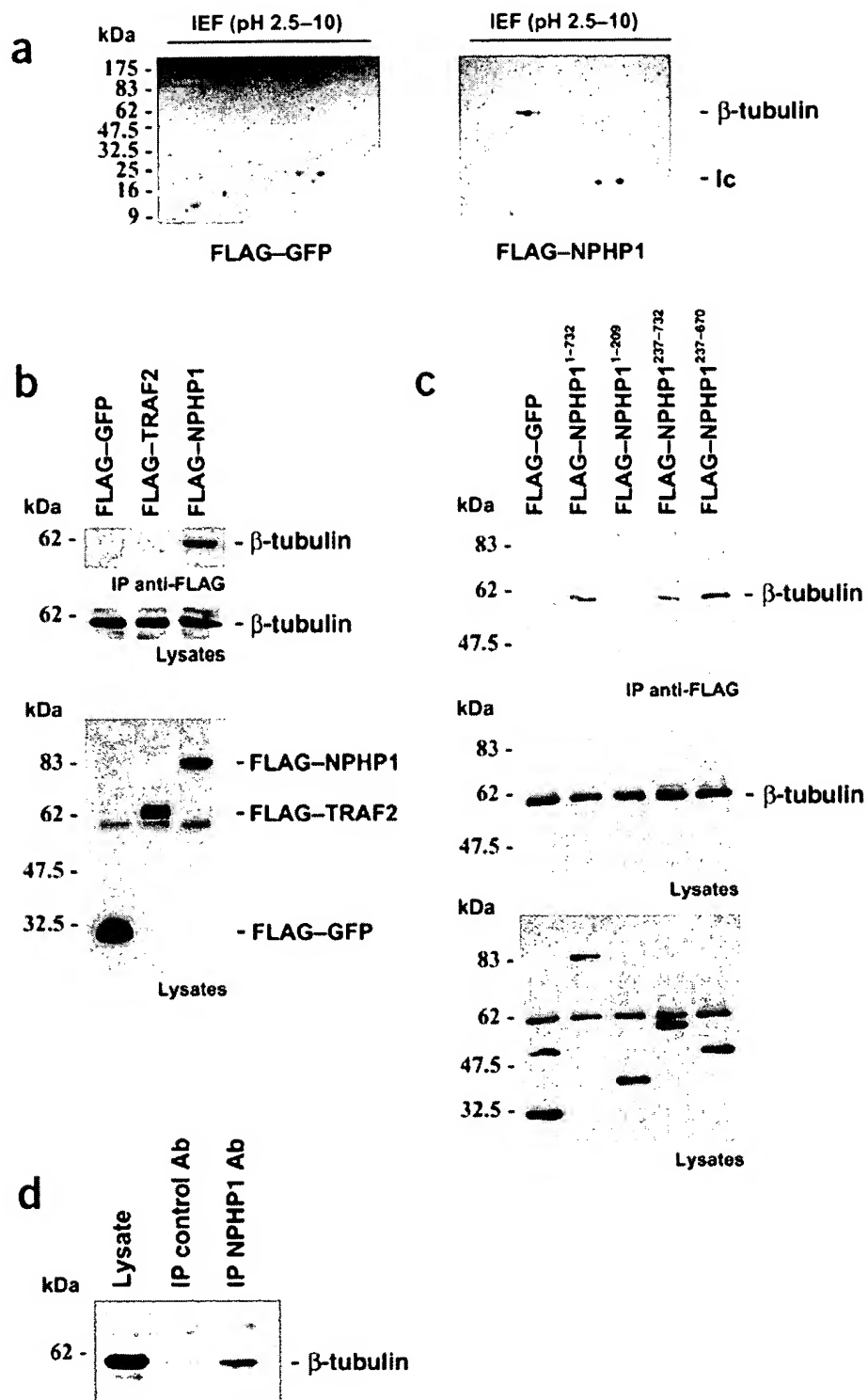


Figure 28

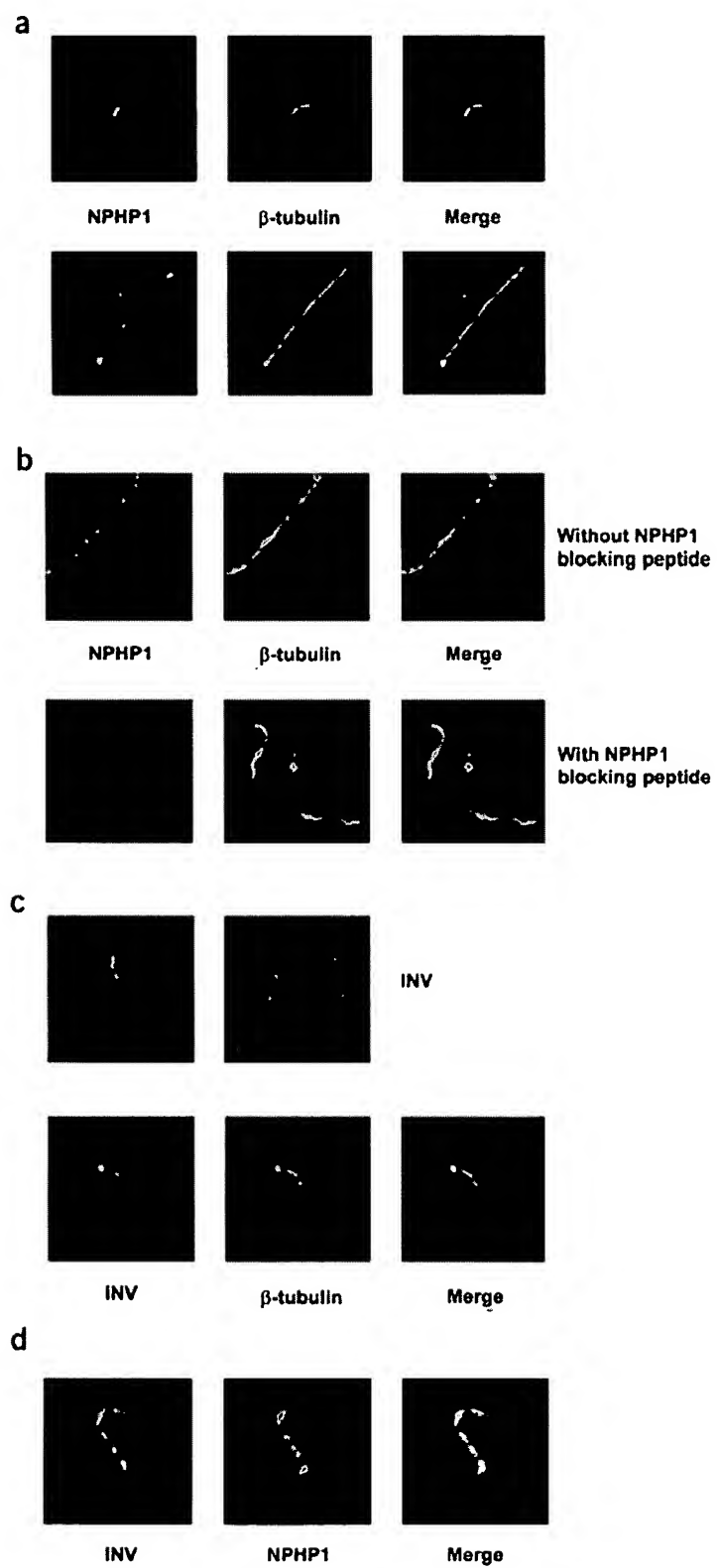


Figure 29

